WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/54, 9/12, 15/11, 15/85, C12Q 1/68, A01K 67/027

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/33998

A2 (43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

8. Juli 1999 (08.07.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/EP98/08216

(22) Internationales Anmeldedatum:

22. Dezember 1998 (22.12.98)

(30) Prioritätsdaten:

197 57 984.1

24. Dezember 1997 (24.12.97) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BAYER AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; D-51368 Leverkusen

(72) Erfinder: und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HAGEN, Gustav [DE/DE]; Bertha-von-Suttner-Strasse 31, D-51373 Leverkusen (DE). WICK, Maresa [DE/DE]; Andreas-Gryphius-Strasse 26, D-51065 Köln (DE). ZUBOV, Dmitry [RU/DE]; Roggendorfstrasse 59, D-51061 Köln (DE).

AKTIENGE-(74) Gemeinsamer Vertreter: BAYER SELLSCHAFT; D-51368 Leverkusen (DE).

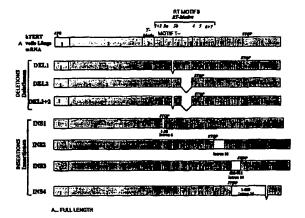
(81) Bestimmungsstaaten: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: REGULATORY DNA SEQUENCES OF THE HUMAN CATALYTIC TELOMERASE SUB-UNIT GENE, DIAGNOSTIC AND THERAPEUTIC USE THEREOF

(54) Bezeichnung: REGULATORISCHE DNA-SEQUENZEN DES GENS DER HUMANEN KATALYTISCHEN TELOM-ERASE-UNTEREINHEIT UND DEREN DIAGNOSTISCHE UND THERAPEUTISCHE VERWENDUNG



(57) Abstract

The present invention relates to regulatory DNA sequences containing promotor sequences, in addition to intervening sequences, for the human catalytic telomerase sub-unit gene. The invention also relates to the use of said DNA sequences for pharmaceutical, diagnostic and therapeutic purposes, especially in the treatment of cancer and ageing.

(57) Zusammenfassung

Diese Erfindung betrifft regulatorische DNA-Sequenzen, beinhaltend Promotorsequenzen, sowie Intronsequenzen, für das Gen der humanen kalytischen Telomerase-Untereinheit. Darüber hinaus betrifft diese Erfindung die Verwendung dieser DNA-Sequenzen für pharmazeutische, diagnostische und therapeutische Zwecke, vor allem in der Behandlung von Krebs und Alterung.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finoland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
ΑZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungara	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten vo
CA	Kanada	ΙT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	z₩	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	ΚZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	u	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estiand	LR	Liberia	SG	Singapur		

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

Regulatorische DNA-Sequenzen des Gens der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit und deren diagnostische und therapeutische Verwendung

5 Aufbau und Funktion der Chromosomenenden

4

Das genetische Material eukaryontischer Zellen ist auf linearen Chromosomen verteilt. Die Enden der Erbanlagen werden, abgeleitet von den griechischen Wörtern telos (Ende) und meros (Teil, Segment), als Telomere bezeichnet. Die meisten Telomere bestehen aus Wiederholungen von kurzen Sequenzen, die überwiegend aus Thymin und Guanin aufgebaut sind (Zakian, 1995). In allen bislang untersuchten Wirbeltieren werden die Telomere aus der Sequenz TTAGGG aufgebaut (Meyne et al., 1989).

Die Telomere üben verschiedene wichtige Funktionen aus. Sie verhindern die Fusion von Chromosomen (McClintock, 1941) und damit die Entstehung von dizentrischen Erbanlagen. Solche Chromosomen mit zwei Centromeren können durch Verlust der Heterozygotie bzw. Verdopplung oder Verlust von Genen zur Entwicklung von Krebs führen.

20

10

Desweiteren dienen Telomere dazu, intakte Erbanlagen von beschädigten zu unterscheiden. So stellten Hefezellen ihre Zellteilung ein, wenn sie ein Chromosom ohne Telomer enthielten (Sandell und Zakian, 1993).

Eine weitere wichtige Aufgabe erfüllen Telomere bei der DNA-Replikation eukaryontischer Zellen. Im Gegensatz zu den zirkulären Genomen von Prokaryonten können die linearen Chromosomen der Eukaryonten von dem DNA Polymerase-Komplex nicht vollständig repliziert werden. Zur Initiation der DNA-Replikation sind RNA-Primer notwendig. Nach Abspaltung der RNA-Primer, Verlängerung der Okazaki-Fragmente und anschließender Ligation fehlt dem neu-synthetisierten DNA-Strang das 5'-Ende, denn dort kann der RNA-Primer nicht durch DNA ersetzt

werden. Ohne besondere Schutzmechanismen würden daher die Chromosomen mit jeder Zellteilung schrumpfen ("end-replication problem"; Harley et al., 1990). Die nicht-kodierenden Telomersequenzen stellen vermutlich eine Pufferzone dar, um dem Verlust von Genen vorzubeugen (Sandell und Zakian, 1993).

5

10

Darüberhinaus spielen Telomere auch eine wichtige Rolle bei der Regulation der zellulären Alterung (Olovnikov, 1973). Humane somatische Zellen zeigen in Kultur eine limitierte Replikationskapazität; sie werden nach einer gewissen Zeit seneszent. In diesem Zustand teilen sich die Zellen selbst nach Stimulierung mit Wachstumsfaktoren nicht mehr, sterben aber nicht, sondern bleiben metabolisch aktiv (Goldstein, 1990). Verschiedene Beobachtungen sprechen für die Hypothese, daß eine Zelle anhand der Länge ihrer Telomere bestimmt, wie oft sie sich noch teilen kann (Allsopp et al., 1992).

Zusammenfassend besitzen die Telomere somit zentrale Funktionen bei der Alterung von Zellen sowie der Stabilisierung des genetischen Materials und Verhinderung von Krebs.

Das Enzym Telomerase synthetisiert die Telomere

20

Wie oben beschrieben können Organismen mit linearen Chromosomen ohne einen speziellen Schutzmechanismus ihr Genom nur unvollständig replizieren. Die meisten Eukaryonten verwenden zur Regeneration der Telomersequenzen ein spezielles Enzym, die Telomerase. In den bislang untersuchten Einzellern wird Telomerase konstitutiv exprimiert. Dagegen wurde in Menschen die Telomerase-Aktivität nur in Keimzellen und Tumorzellen gemessen, wogegen benachbartes somatisches Gewebe keine Telomerase enthielt (Kim et al., 1994).

30

25

Funktionell kann die Telomerase auch als terminale Telomertransferase bezeichnet werden, die als Multiproteinkomplex im Zellkern lokalisiert ist. Während der RNA-Anteil der humanen Telomerase schon seit längerem bekannt ist (Feng et al., 1995),

15

20

25

30

:

wurde kürzlich die katalytische Untereinheit dieser Enzymgruppe in verschiedenen Organismen identifiziert (Lingner *et al.*, 1997; vgl. unsere ebenfalls anhängige Anmeldung PCT EP/98/03468). Diese katalytischen Untereinheiten der Telomerase sind sowohl untereinander als auch zu bisher allen bekannten reversen Transkriptasen auffällig homolog.

Auch in WO 98/14592 werden Nukleinsäure- und Aminosäuresequenzen der katalytischen Telomerase-Untereinheit beschrieben.

10 Aktivierung der Telomerase in menschlichen Tumoren

Eine Aktivität der Telomerase konnte in Menschen ursprünglich nur in Keimbahnzellen, nicht aber in normalen somatischen Zellen (Hastie et al., 1990; Kim et al., 1994) nachgewiesen werden. Nach der Entwicklung eines sensitiveren Nachweisverfahrens (Kim et al., 1994) wurde auch in hematopoietischen Zellen eine geringe Telomeraseaktivität detektiert (Broccoli et al., 1995; Counter et al., 1995; Hiyama et al., 1995). Allerdings wiesen diese Zellen trotzdem eine Reduktion der Telomere auf (Vaziri et al., 1994; Counter et al., 1995). Noch ist nicht geklärt, ob die Menge an Enzym in diesen Zellen nicht ausreichend für eine Kompensation des Telomerverlustes ist, oder ob die gemessene Telomerase-Aktivität von einer Subpopulation, z.B. unvollständig ausdifferenzierten CD34+38+-Vorläuferzellen, herrührt (Hiyama et al., 1995). Zur Klärung wäre ein Nachweis der Telomerase-Aktivität in einer einzelnen Zelle nötig.

Interessanterweise wurde jedoch in einer großen Zahl der bislang getesteten Tumorgewebe eine signifikante Telomerase-Aktivität nachgewiesen (1734/2031, 85 %; Shay, 1997), während in normalem somatischen Gewebe keine Aktivität gefunden wurde (1/196, <1 %, Shay, 1997). Verschiedene Untersuchungen zeigten außerdem, daß in seneszenten Zellen, die mit viralen Oncoproteinen transformiert wurden, die Telomere weiterhin schrumpften und Telomerase nur in der Subpopulation entdeckt werden konnte, die die Wachstumskrise überlebte (Counter et al., 1992). In diesen immortalisierten Zellen waren auch die Telomere stabil (Counter et al., 1992). Ähnli-

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

che Befunde aus Untersuchungen an Mäusen (Blasco et al., 1996) stützen die Annahme, daß eine Reaktivierung der Telomerase ein spätes Ereignis in der Tumorgenese ist.

Basierend auf diesen Ergebnissen wurde eine "Telomerase-Hypothese" entwickelt, die den Verlust von Telomersequenzen und Zellalterung mit der Aktivität von Telomerase und der Entstehung von Krebs verbindet. In langlebigen Spezies wie dem Menschen kann das Schrumpfen der Telomere als ein Mechanismus zur Tumorsuppression angesehen werden. Ausdifferenzierte Zellen, die keine Telomerase enthalten, stellen bei einer bestimmten Länge der Telomere ihre Zellteilung ein. Mutiert eine solche Zelle, so kann aus ihr nur dann ein Tumor entstehen, wenn die Zelle ihre Telomere verlängern kann. Ansonsten würde die Zelle weiterhin Telomersequenzen verlieren, bis ihre Chromosomen instabil werden und sie schließlich zugrunde geht. Die Reaktivierung der Telomerase ist vermutlich der Hauptmechanismus von Tumorzellen zur Stabilisation ihrer Telomere.

Aus diesen Beobachtungen und Überlegungen ergibt sich, daß eine Inhibition der Telomerase eine Therapie von Tumoren erlauben sollte. Konventionelle Krebstherapien mit Zytostatika oder kurzwelligen Strahlen schädigen nicht nur die Tumorzellen, sondern alle sich teilenden Zellen des Körpers. Da aber außer Tumorzellen nur Keimbahnzellen eine signifikante Telomerase-Aktivität enthalten, würden Telomerase-Inhibitoren spezifischer die Tumorzellen angreifen und somit weniger unerwünschte Nebenwirkungen hervorrufen. In allen bislang getesteten Tumorgeweben wurde eine Telomerase-Aktivität nachgewiesen, so daß diese Therapeutika gegen alle Krebsarten eingesetzt werden könnten. Die Wirkung von Telomerase-Inhibitoren würde dann eintreten, wenn die Telomere der Zellen sich soweit verkürzt haben, daß das Genom instabil wird. Da Tumorzellen meist kürzere Telomere aufweisen als normale somatische Zellen, würden zuerst Krebszellen durch Telomerase-Inhibitoren eliminiert werden. Zellen mit langen Telomeren, wie die Keimzellen, würden dagegen erst viel später geschädigt werden. Telomerase-Inhibitoren stellen somit einen zukunftsweisenden Weg für die Therapierung von Krebs dar.

:

Eindeutige Antworten auf die Frage nach der Art und den Angriffspunkten physiologischer Telomerase-Inhibitoren werden möglich sein, wenn auch die Regulation der Genexpression der Telomerase identifiziert ist.

5

10

Regulation der Genexpression in Eukaryonten

Die eukaryotische Genexpression, d.h. der zelluläre Informationsfluß von der DNA über die RNA zum Protein, weist vielfältige Ansatzpunkte für regulatorische Mechanismen auf. Einzelne Kontrollstufen sind z.B. die Gen-Amplifikation, Rekombination von Genloci, Chromatinstruktur, DNA-Methylierung, Transkription, posttranskriptionelle mRNA-Modifikationen, mRNA-Transport, Translation und post-translationale Proteinmodifikationen. Nach bisherigen Studien besitzt die Kontrolle auf der Ebene der Transkriptionsinitiation die größte Bedeutung (Latchman, 1991).

15

20

Unmittelbar stromaufwärts vom Transkriptionsstart eines von der RNA-Polymerase II transkribierten Gens liegt eine Region, die für die Steuerung der Transkription verantwortlich ist und als Promotorregion bezeichnet wird. Ein Vergleich der Nukleotidsequenzen von Promotorregionen vieler bekannter Gene zeigt, daß bestimmte Sequenzmotive in dieser Region häufig vorkommen. Zu diesen Elementen gehören unter anderem die TATA-Box, die CCAAT-Box und die GC-Box, die von spezifischen Proteinen erkannt werden. Die TATA-Box, die etwa 30 Nukleotide stromaufwärts vom Transkriptionsstart entfernt positioniert ist, wird z.B. von der TFIID-Untereinheit TBP ("TATA-box binding protein") erkannt, wogegen bestimmte GC-reiche Sequenzabschnitte vom Transkriptionsfaktor Sp1 ("specificity protein1") spezifisch gebunden werden.

25

30

Funktionell kann man den Promotor in einen regulativen und einen konstitutiven Abschnitt unterteilen (Latchman, 1991). Der konstitutive Kontrollbereich umfaßt den sogenannten Kernpromotor ("corepromoter"), der die korrekte Initiation der Transkription ermöglicht. Er enthält die als UPE's (upstream promoter elements") be-

6

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

schriebenen Sequenzelemente, die für eine effiziente Transkription notwendig sind. Die regulativen Kontrollabschnitte, die mit den UPE's verflochten sein können, weisen Sequenzelemente auf, die an der signalabhängigen Regulation der Transkription durch Hormone, Wachstumsfaktoren usw. beteiligt sein können. Sie vermitteln gewebs- oder zellspezifische Promotoreigenschaften.

Ein charakteristisches Merkmal eukaryotischer Gene sind DNA-Abschnitte, die über vergleichsweise große Distanzen hinweg Einfluß auf die Genexpression nehmen können. Diese Elemente können stromaufwärts, stromabwärts oder innerhalb einer Transkriptionseinheit lokalisiert sein und unabhängig von ihrer Orientierung ihre Funktion wahrnehmen. Diese Sequenzabschnitte können die Promotoraktivität verstärken (Enhancer) oder abschwächen (Silencer). Ähnlich wie die Promotorregionen beherbergen auch Enhancer und Silencer mehrere Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren.

15

25

30

5

10

Die Erfindung betrifft die DNA-Sequenzen aus der 5'-flankierenden Region des Gens der katalytisch aktiven humanen Telomerase-Untereinheit sowie Intron-Sequenzen für dieses Gen.

Die Erfindung betrifft insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz, enthaltend die Promotor-DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit gemäß Fig. 10 (SEQ ID NO 3).

Die Erfindung betrifft weiterhin regulatorisch wirksame Teilbereiche der 5'-flankierenden regulatorischen DNA-Sequenz gemäß Fig. 4 (SEQ ID NO 1).

Weiterhin sind Gegenstand der vorliegenden Erfindung Intron-Sequenzen für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit, insbesondere solche, die regulatorische Wirkung haben. Die erfindungsgemäßen Intronsequenzen werden im Rahmen von Beispiel 5 detailliert beschrieben (vgl. SEQ ID NO 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 und 20).

10

20

30

:

Die Erfindung betrifft weiterhin ein rekombinantes Konstrukt, das die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere die 5'-flankierende DNA-Sequenz des Gens der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit oder Teilbereiche davon beinhaltet.

Bevorzugt sind rekombinante Konstrukte, die neben den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere der 5'-flankierenden DNA-Sequenz des Gens der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit oder Teilbereichen davon, eine oder mehrere weitere DNA-Sequenzen, die für Polypeptide oder Proteine kodieren, enthalten.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform kodieren diese weiteren DNA-Sequenzen für antitumorale Proteine.

Besonders bevorzugte antitumorale Proteine sind solche, die die Angiogenese direkt oder indirekt inhibieren. Zu diesen Proteinen zählen beispielsweise:

Plasminogenaktivatorinhibitor (PAI-1), PAI-2, PAI-3, Angiostatin, Endostatin, Platelet factor 4, TIMP-1, TIMP-2, TIMP-3, Leukemia Inhibitory Factor (LIF).

Ebenfalls besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche direkt oder indirekt eine zytostatische Wirkung auf Tumoren aufweisen. Hierzu zählen im besonderen:

Perforin, Granzym, IL-2, IL-4, IL-12, Interferone, wie beispielsweise IFN-α, IFN-β, IFN-γ, TNF, TNF-α, TNF-β, Oncostatin M; Tumorsuppressorgene, wie z.B. p53, Retinoblastoma.

Weiterhin besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche gegebenenfalls zusätzlich zur antitumoralen Wirkung Entzündungen stimulieren und hierdurch zur Elimination von Tumorzellen beitragen. Hierzu zählen beispielsweise:

10

15

25

30

:

RANTES, Monocyte chemotactic and activating factor (MCAF), IL-8, Macrophage inflammatory protein (MIP-1α,-β), Neutrophil activating protein-2 (NAP-2), IL-3, IL-5, human leukemia inhibitory factor (LIF), IL-7, IL-11, IL-13, GM-CSF, G-CSF, M-CSF.

Weiterhin besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche aufgrund ihrer Wirkung als Enzyme in der Lage sind, Vorstufen eines antitumoralen Wirkstoffes in einen antitumoralen Wirkstoff zu überführen. Zu diesen Enzymen zählen beispielsweise:

Herpes Simplex Virus Thymidinkinase, Varizella Zoster Virus Thymidinkinase, bakterielle Nitroreductase, bakterielle \(\textit{B}\)- Glukuronidase, pflanzliche \(\textit{B}\)-Glukuronidase aus Secale careale, humane Glukuronidase, humane Carboxypeptidase, bakterielle Carboxypeptidase, bakterielle \(\textit{B}\)-Lactamase, bakterielle Cytosindeaminidase, humane Katalase bzw. Phosphatase, humane alkalische Phosphatase, Typ 5 saure Phosphatase, humane Lysooxidase, humane saure D-Aminooxidase, humane Glutathion Peroxidase, humane Eosinophilen Peroxidase, humane Schilddrüsen Peroxidase.

Die obengenannten rekombinanten Konstrukte können auch DNA-Sequenzen enthalten, die für Faktor VIII, IX oder Teilfragmente davon kodieren. Zu diesen DNA-Sequenzen zählen auch andere Blutgerinnungsfaktoren

Die obengenannten rekombinanten Konstrukte können auch DNA-Sequenzen enthalten, die für ein Reporterprotein kodieren. Zu diesen Reporterproteinen zählen beispielsweise:

Chloramphenicolacetyltransferase (CAT), Glühwürmchen Luziferase (LUC), ß-Galaktosidase (ß-Gal), Sezernierte alkalische Phosphatase (SEAP), Humanes Wachstumshormon (hGH), ß-Glukuronidase (GUS), Grün-fluoreszierendes Protein (GFP) und alle davon abgeleiteten Varianten, Aquarin, Obelin.

<u>:</u>

Erfindungsgemäße rekombinante Konstrukte können auch DNA kodierend für die humane katalytische Telomerase Untereinheit und deren Varianten und Fragmente in antisense Orientierung enthalten. Gegebenenfalls können diese Konstrukte auch andere Protein-Untereinheiten der humanen Telomerase und die Telomerase-RNA-Komponente in antisense Orientierung enthalten.

Die rekombinanten Konstrukte können neben der DNA, kodierend für die humane katalytische Telomerase Untereinheit, sowie deren Varianten und Fragmente auch andere Protein-Untereinheiten der humanen Telomerase und die Telomerase-RNA-Komponente enthalten.

Die Erfindung betrifft weiterhin einen Vektor, enthaltend die oben genannten erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere die 5'-flankierenden DNA-Sequenzen, sowie eine oder mehrere der oben genannten anderen DNA-Sequenzen.

Bevorzugter Vektor für solche Konstrukte ist ein Virus, beispielsweise ein Retrovirus, Adenovirus, adeno-assoziiertes Virus, Herpes Simplex Virus, Vaccina Virus, lentivirales Virus, Sindbis Virus und ein Semliki Forest Virus.

20

25

5

10

15

Ebenfalls bevorzugt sind Plasmide als Vektoren.

Die Erfindung betrifft weiterhin pharmazeutische Präparate, enthaltend erfindungsgemäße rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren; beispielsweise eine Zubereitung in einem kolloidalen Dispersionssystem.

Geeignete kolloidale Dispersionssysteme sind beispielsweise Liposome oder Polylysin-Liganden.

30 Die Zubereitungen der erfindungsgemäßen Konstrukte bzw. Vektoren in kolloidalen Dispersionssystemen können um einen Liganden ergänzt sein, der an Membranstruk-

2

turen von Tumorzellen bindet. Ein solcher Ligand kann z.B. an das Konstrukt bzw. den Vektor angeknüpft sein oder auch Bestandteil der Liposomenstruktur sein.

- Geeignete Liganden sind insbesondere polyklonale oder monoklonale Antikörper oder Antikörperfragmente hiervon, die mit ihren variablen Domänen an Membranstrukturen von Tumorzellen binden, oder endständige Mannose-tragende Substanzen, Zytokine, Wachstumsfaktoren oder Fragmente bzw. Teilsequenzen hiervon, die an Rezeptoren auf Tumorzellen binden.
- Entsprechende Membranstrukturen sind beispielsweise Rezeptoren für ein Zytokin oder einen Wachstumsfaktor, wie z.B. IL-1, EGF, PDGF, VEGF, TGF β, Insulin oder Insulin-like Growth Factor (ILGF), oder Adhäsionsmoleküle, wie z. B. SLeX, LFA-1, MAC-1, LECAM-1 oder VLA-4, oder der Mannose-6-Phosphat-Rezeptor.
- Zur vorliegenden Erfindung gehören pharmazeutische Zubereitungen, die neben den erfindungsgemäßen Vektorkonstrukten auch nichttoxische, inerte, pharmazeutisch geeignete Trägerstoffe enthalten können. Vorstellbar sind die Applikation (z.B. intravenös, intraarteriell, intramuskulär, subkutan, intradermal, anal, vaginal, nasal, transdermal, intraperitonal, als Aerosol oder oral) am Ort eines Tumors oder die systemische Applikation dieser Zubereitungen.
 - Die erfindungsgemäßen Vektorkonstrukte können in der Gentherapie eingesetzt werden.
- Die Erfindung betrifft weiterhin eine rekombinante Wirtszelle, insbesondere eine rekombinante eukaryotische Wirtszelle, enthaltend die vorstehend beschriebenen Konstrukte bzw. Vektoren.
- Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Identifizierung von Substanzen,
 die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase
 Untereinheit beeinflussen, wobei dieses Verfahren folgende Schritte umfaßt:

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

11

4

A. Zugabe einer Kandidatensubstanz zu einer Wirtszelle, enthaltend die erfindungsgemäße regulatorische DNA-Sequenz, insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit oder einen regulatorisch wirksamen Teilbereich davon, funktionell verknüpft mit einem Reportergen,

- B. Messung des Substanzeffektes auf die Reportergenexpression.
- Das Verfahren kann eingesetzt werden zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase Untereinheit verstärken.

Das Verfahren kann weiterhin eingesetzt werden zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase Untereinheit inhibieren.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Identifizierung von Faktoren, die spezifisch an Fragmente der erfindungsgemäßen DNA-Fragmente, insbesondere der 5'-flankierenden regulatorischen DNA-Sequenz der katalytischen Telomerase Untereinheit, binden. Diese Methode beinhaltet ein Screening einer Expressions-cDNA-Bibliothek mit der vorstehend beschriebenen DNA-Sequenz oder Teilfragmenten unterschiedlichster Länge als Sonde.

Die vorstehend beschriebenen Konstrukte bzw. Vektoren können auch zur Herstellung transgener Tiere verwendet werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Detektion Telomerase-assoziierter Zustände bei einem Patienten, das folgende Schritte umfaßt:

20

WO 99/33998

12

PCT/EP98/08216

- A. Inkubation eines Konstruktes bzw. Vektors, enthaltend die erfindungsgemäße DNA-Sequenz, insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit oder einen regulatorisch wirksamen Teilbereich davon sowie ein Reportergen mit Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben,
- B. Detektion der Reportergenaktivität, um einen diagnostischen Wert zu erhalten;
- 10 C. Vergleich des diagnostischen Werts mit Standardwerten für das Reportergenkonstrukt in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe;
- Detektion diagnostischer Werte, die höher oder niedriger als Standardvergleichswerte

 liegen, indiziert einen Telomerase-assoziierten Zustand, der wiederum einen pathogenen Zustand indiziert.

Erläuterung der Abbildungen:

4

5

25

30

20 Fig. 1: Southern Blot-Analyse mit genomischer DNA verschiedener Spezies

A: Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,7 %igen Agarosegels mit etwa 4 μg Eco RI geschnittener genomischer DNA. Die Spur 1 enthält Hind III geschnittene λ -DNA als Größenmarker (23,5, 9,4, 6,7, 4,4, 2,3, 2,0, und 0,6 kb). Die Spuren 2 bis 10 enthalten genomische DNA von Mensch, Rhesusaffe, Spraque Dawley Ratte, BALB/c Maus, Hund, Rind, Kaninchen, Huhn und Hefe (Saccharomyces cerevisiae).

B: Zu Fig.1 A korrespondierendes Autoradiogramm einer Southern Blot-Analyse, hybridisiert mit einer radioaktiv-markierten etwa 720 bp langen hTC-cDNA Sonde.

à

5

10

15

20

25

30

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

13

Restriktionsanalyse der rekombinanten λ-DNA des Phagenklons P12, der Fig. 2: mit einer Sonde aus dem 5'-Bereich der hTC-cDNA hybridisiert.

Die Abbildung zeigt ein Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,4 %igen Agarosegels. Die Spuren 1 und 2 enthalten Eco RI/Hind III geschnittene λ-DNA bzw eine 1 kb Leiter der Firma Gibco als Größenmarker. Die Spuren 3 - 7 enhalten 250 ng mit Bam HI (Spur 3), Eco RI (Spur 4), Sal I (Spur 5), Xho I (Spur 6) und Sac I (Spur 7) geschnittene DNA des rekombinanten Phagens. Die Pfeile kennzeichnen die zwei λ-Arme des Vektors EMBL3 Sp6/T7.

Restriktionsanalyse und Southern Blot-Analyse der rekombinanten λ-Fig. 3: DNA des Phagenklons, der mit einer Sonde aus dem 5'-Bereich der hTCcDNA hybridisiert.

> A: Die Abbildung zeigt ein Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,8%igen Agarosegels. Die Spuren 1 und 15 enthalten eine 1 kb Leiter der Firma Gibco als Größenmarker. Die Spuren 2 bis 14 enthalten 250 ng geschnittene λ-DNA vom rekombinanten Phagenklon. Als Enzyme wurden eingesetzt: Spur 2: Sac I, Spur 3: Xho I, Spur 4: Xho I, Xba I, Spur 5: Sac I, Xho I, Spur 6: Sal I, Xho I, Xba I, Spur 7: Sac I, Xho I, Xba I, Spur 8: Sac I, Sal I, Xba I, Spur 9: Sac I, Sal I, BamH I, Spur 10: Sac I, Sal I, Xho I, Spur 11: Not I, Spur 12: Sma I, Spur 13: leer, Spur 14: nicht verdaut.

> B: Zu Fig.3 A korrespondierendes Autoradiogramm einer Southern Blot-Analyse. Als Sonde für die Hybridisierung wurde ein etwa 420 bp langes 5'-hTC-cDNA Fragment eingesetzt.

WO 99/33998

.

Fig. 4: Partielle DNA-Sequenz der 5'-flankierenden Region und des Promotors vom Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit. Das ATG-Startcodon ist in der Sequenz fett hervorgehoben. Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 1.

5

Identifizierung des Transkriptionsstarts durch Primer Extension-Analyse. Fig. 5:

> Die Abbildung zeigt ein Autoradiogramm eines denaturierenden Polyacrylamidgels, welches zur Darstellung einer Primer Extension-Analyse gewählt wurde. Als Primer wurde ein Oligonukleotid mit der Sequenz 5'GTTAAGTTGTAGCTTACACTGGTTCTC 3' benutzt. In der Spur 1 wurde die Primer Extension Reaktion aufgetragen. Die Spuren G, A, T, C, stellen die Sequenzreaktionen mit dem gleichen Primer und den entsprechenden Dideoxynukleotiden dar. Der fette Pfeil kennzeichnet den Haupt-Transkriptionsstart, die dünnen Pfeile weisen auf drei Neben-Transkriptionsstartpunkte hin.

15

10

cDNA Sequenz der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit Fig. 6: (hTC; vgl. unsere anhängige Anmeldung PCT/EP/98/03468). Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 2.

20

Strukturelle Organisation und Restriktionsmappe des humanen hTC-Fig. 7: Gens und dessen 5'- und 3'-flankierende Region.

25

Exons sind als durchnummerierte schwarz ausgefüllte Rechtecke und Introns als nicht ausgefüllte Bereiche hervorgehoben. Nichttranslatierte Sequenzabschnitte in den Exons sind schraffiert. Die Translation startet in Exon 1 und endet in Exon 16. Restriktionsenzymschnittstellen sind wie folgt gekennzeichnet: S, SacI; X, XhoI. Die relative Anordnung der fünf Phagenklone (P2, P3, P5, P12, P17) und des Produktes aus dem "Genomic walking" sind durch dünne Linien hervorgehoben. Wie durch

die Punkte gekennzeichnet, ist die Sequenz von Intron 16 nur teilweise entschlüsselt.

Fig. 8: HTL Splicevarianten.

angegeben.

ì

5

10

A: Schematische Struktur der hTC mRNA Splicevarianten. Die vollständige hTC mRNA ist als grau unterlegtes Rechteck im oberen Bereich der Abb. dargestellt. Die 16 Exons sind entsprechend ihrer Größe dargestellt. Der Translationsstart (ATG) und das Stop-Codon, sowie das Telomerase-spezifische T-Motiv und die sieben RT-Motive sind hervorgehoben. Die hTC-Varianten sind in Deletions- und Insertionsvarianten unterteilt. In den Deletionen sind die fehlenden Exonsequenzen markiert. Die Insertionen sind durch zusätzliche weiße Rechtecke hervorgehoben. Größe und Herkunft der insertierten Sequenzen sind angegeben. Neu entstandene Stop-Codons sind markiert. Die Größe der Insertion von Variante INS2 ist unbekannt.

15

B: Exon Intron Übergänge der hTC-Splice-Varianten. Nichtgesplicte 5'und 3'-flankierte Sequenzen sind als weiße Rechtecke hervorgehoben.
Die Herkunft der Exon und Intron Sequenzen ist angegeben. Intron und
Exon Sequenzen sind in Kleinbuchstaben, bzw. in Großbuchstaben
dargestellt. Die Donor und Akzeptor Sequenzen der Splicestellen sind als
graue Rechtecke unterlegt und deren Exon Intron Herkunft ist ebenfalls

25

20

Fig. 9: Identifizierung des Transkriptionsstarts durch RT-PCR Analyse.

Die RT-PCR wurde mit cDNA-Bibliothek aus HL 60 Zellen und genomischer DNA als Positivkontrolle durchgeführt. Ein gemeinsamer 3'-Primer hybridisiert an eine Sequenzregion aus Exon 1. Die Position der verschiedenen 5' Primer in der kodierenden Region oder der 5'flankierenden Region ist angegeben. In der Negativkontrolle wurde keine

;

Template-DNA in der PCR-Reaktion zugegeben. M: DNA-Größenmarker.

Fig. 10: Nukleotidsequenz und Strukturmerkmale des hTC-Promotors.

11273 bp der 5'-flankierenden hTC Gensequenz, beginnend mit dem Translationsstartcodon ATG (+1) sind dargestellt. Die putative Region des Translationsstarts ist unterstrichen. Mögliche regulatorische Sequenzabschnitte innerhalb der 4000 bp stromaufwärts des Translationsstarts sind umrandet. Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 3.

10

15

5

Fig. 11: Aktivität des hTC-Promotors in HEK-293 Zellen.

Im oberen Bereich der Abbildung sind die ersten 5000 bp der 5'flankierenden hTC Genregion schematisch dargestellt. Das ATGStartcodon ist hervorgehoben. CpG reiche Inseln sind durch graue
Rechtecke markiert. Auf der linken Abbildungsseite sind die Größen der
hTC Promotor-Luziferase Konstukte dargestellt. Das pomotorlose pGL2Basic Konstrukt und das SV40 Promotorkonstrukt pGL2-Pro wurden in
jeder Transfektion als Kontrollen eingesetzt. Auf der rechten Abbildungsseite sind ist die relative Luziferaseaktivität der verschiedenen
Promotorkonstukte in HEK-Zellen als durchgehende Balken gezeigt. Die
Standardabweichung ist angegeben. Die Zahlenwerte repräsentieren den
Durchschnitt von zwei unabhängigen Experimenten, die in Duplikaten
durchgeführt wurden.

20

25 Tab. 1: Exon Intron Übergänge des hTC-Gens

Aufgelistet sind die Nukleotidsequenzen an den 3'- und 5' Spliceübergängen des hTC-Gens. Die Konsensussequenzen für Donor und Akzeptorsequenzen (AG und GT) sind durch graue Rechtecke unterlegt. Intronsequenzen (Kleinbuchstaben) und Exonsequenzen (Großbuchstaben), die die Spliceakzeptor- und Donorstellen flankieren sind gezeigt. Die Größe der Exons und Introns ist in bp angegeben.

WO 99/33998

5

10

4

Tab. 2: Potentielle Bindungsstellen für DNA-bindende Faktoren in der Nukleotidsequenz von Intron 2

Die Suche nach möglichen DNA-bindenden Faktoren (z.B. Transkriptionsfaktoren) wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Aufgelistet sind die Abkürzungen der identifizierten DNA-bindenden Faktoren und deren Lokalisation in Intron 2.

000000000000000000000000000000000000000			•	הסווסה הכשתבייים			١
3. Acceptor Sequence							
\$ 6 5 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4	Kxon	Exon	đq	Exon	Intron	Intr	
		No.				ď	:
				•		No.	ļ
et Acationada Bonion	GTTTCAGGCAGCGCTGCGT		281	CGCCCCCTCCTTCCGCCAG	graggcctccccggggtcg	н	104
o Hallatei eilae Megioni	GTGTCTGCCTGAAGGAGC	7	1354	TGGCTGCGCAGGAGCCCAG	gtgaggaggtggtggccgt	64	8616
San Annonna Sobbbeo	CACATACATATACACC	м	196	TGCAAAGCATTGGAATCAG	gtactgtatccccacgcca	m	2089
catgtccttctcgtctag	SCOTTESTED STORY	4	181	GTTCCGCAGAGAAAAGAGG	gtggctgtgctttggttta	4	687
gagggctctctattgcag	GCCGAGCGTCTCACCTCGA	Ŋ	180	TGAGCTGTACTTTGTCAAG	gtgggtgccggggacccc	ស	494
cccardcracccdcrag	GTGGATGTGACGGGCGCGT	v	156	CAAGGCCTTCAAGAGCCAC	gtaaggttcacgtgtgata	9	>4660
otogoctccaccacacag	GTCTCTACCTTGACAGACC	7	96	TGCCGTCGTCATCGAGCAG	gtctgggcactgcctgca	7	186
coctotoctctgccyycas	AGCTCCTCCTGAATGAGG	ω	98	CCGTGCGCATCAGGGGCAA	gtgagtcaggtggccaggt	∞	2485
כבככמבכרמברבכמש	GTCCTACGTCCAGTGCCAG	o	114	CGGGGATTCGGCGGGACGG	gtgaggeeteeteteeee	Ø	1984
מבקבקבבבבבבקיים	GCTGCTCCTGCGTTTGGTG	10	72	ACGCGAAAACCTTCCTCAG	gtgaggcccgtgcgtgtg	10	1871
geartition	GACCCTGGTCCGAGGTGTC	11	189	TGCAGAGCGACTACTCCAG	gtgagcgcacctggccgga	11	380∴
cattgeecectetateta	CTATGCCCGGACCTCCATC	12	127	CCTGTTTCTGGATTTGCAG	gtgagcaggctgatggtca	12	
	GTGAACAGCCTCCAGACGG	13	62	TCCTGCTGCAGGCGTACAG	gtgagccgccaccaagggg	13	318,
	GTTTCACGCATGTGTGCTG	14	125	CTGAAAGCCAAGAACGCAG	gtatgtgcaggtgcctggc	14	
orgreeyceaccecers	GGATGTCGCTGGGGGCCAA	15	138	CTGGGGTCACTCAGGACAG	gcaagtgtgggtggaggcc	15	
totgattttggccccgqag	CCCAGACGCAGCTGAGTCG	16	664	TITITCAGITTTGAAAAA	3' flankierende Region		

:

Tab. 2

Faktoren	Lokalisation in Intron 2
C/EBP	2925
CRE.2	2749
Spl	2378, 4094, 4526, 4787, 4835, 4995
AP-2 CS3	5099
AP-2 CS4	2213, 3699, 4667, 5878, 5938, 6059, 6180, 6496
AP-2 CS5	5350, 5798, 5880, 5940, 6061, 6182, 6375, 6498
PEA3	934, 2505
P53	2125
GR uteroglobin	848, 1487, 2956
PR uteroglobin	3331
Zeste-white	1577, 1619, 1703, 1745, 1787, 1829, 1871, 1913, 1955, 1997, 2039, 2081, 3518, 3709, 4765, 5014, 5055
GRE	846
MyoD-MCK right	447, 509, 558, 1370, 1595, 1900, 2028, 2099, 4557
site/rev	
MyoD-MCK left site	108, 118, 453, 1566, 1608, 1692, 1734, 1818, 1902,
	1986, 2372, 2460, 2720, 3491, 5030
Ets-1 CS	6408
AP1	3784, 4406
CREB	2801
GATA-1	839, 1390, 3154
с-Мус	108, 118, 453, 1566, 1608, 1692, 1734, 1818, 1902,
	1986, 2372, 2460, 2720, 3491, 5030
CACCC site	991
CCAAT site	1224
CCAC box	992
CAAT site	463, 2395
Rb site	992, 4663
TATA	3650
CDEI .	106, 1564, 1606, 1690, 1732, 1816, 1900, 1984

Beispiele

Das menschliche Gen für die katalytische Telomerase Untereinheit (ghTC), sowie die 5' und 3' liegenden Bereiche dieses Gens wurden kloniert, der Startpunkt der Transkription bestimmt, potentielle Bindungsstellen für DNA-bindende Proteine identifiziert, sowie aktive Promotorfragmente aufgezeigt. Die Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 6) ist bereits in unserer ebenfalls anhängigen Anmeldung PCT/EP/98/03468 beschrieben. Wenn nicht gesondert erwähnt, beziehen sich sämtliche Angaben zur cDNA-Position auf diese Sequenz.

10

15

20

25

5

Beispiel 1

Durch eine genomische Southern Blot-Analyse wurde bestimmt, ob ghTC im menschlichen Genom ein Einzelgen darstellt oder mehrere Loci für das hTC-Gen bzw. eventuell auch ghTC-Pseudogene existieren.

Hierzu wurde ein kommerziell erhältlicher Zoo-Blot der Firma Clontech einer Southern Blot-Analyse unterzogen. Dieser Blot enthält 4 µg Eco RI geschnittene genomische DNA von neun verschiedenen Spezies (Mensch, Affe, Ratte, Maus, Hund, Rind, Kaninchen, Huhn und Hefe). Mit Ausnahme von Hefe, Huhn und Mensch wurde die DNA aus Nierengewebe isoliert. Die humane genomische DNA wurde aus Plazenta isoliert und die genomische DNA aus Huhn wurde aus Lebergewebe aufgereinigt. Im Autoradiogramm in Fig. 1 wurde als radioaktiv-markierte Sonde ein etwa 720 bp langes hTC-cDNA Fragment, isoliert aus der hTC cDNA, Variante Del2 (Position 1685 bis 2349 plus 2531 bis 2590 der Fig. 6 [Deletion 2; vergl. Beispiel 5 der Fig. 8]), eingesetzt. Die experimentellen Bedingungen für die Hybridisierung und die Waschschritte des Blots erfolgten in Anlehnung an Ausubel et al. (1987).

30 Im Fall der humanen DNA erkennt die Sonde zwei spezifische DNA-Fragmente. Das kleinere, etwa 1,5 bis 1,8 kb lange Eco RI-Fragment geht wahrscheinlich auf zwei ÷

Eco RI-Schnittstellen in einem Intron der ghTC-DNA zurück. Aufgrund dieses Ergebnisses ist davon auszugehen, daß nur ein singuläres ghTC-Gen im menschlichen Genom vorliegt.

5 Beispiel 2

10

15

20

25

30

Zur Isolierung der 5' flankierenden hTC-Gensequenz wurden ca 1,5 x 10⁶ Phagen einer humanen genomischen Plazenta-Genbibliothek (EMBL 3 SP6/T7 der Firma Clontech, Bestellnummer HL1067j) auf Nitrozellulosefilter (0,45 μm; Fa. Schleicher und Schuell) nach Angaben des Herstellers mit einem radioaktiv markierten, etwa 500 bp langen 5'-hTC-cDNA Fragment (Position 839 bis 1345 der Fig. 6) hybridisiert. Die Nitrozellulosefilter wurden zunächst in 2 x SSC (0,3 M NaCl; 0,5 M Tris-HCl, pH 8,0) und anschließend in einer Prähybridisierungslösung (50 % Formamid; 5 x SSPE, pH 7,4; 5 x Denhards-Lösung; 0,25 % SDS; 100 μg/ml Heringsperma-DNA) zwei Stunden bei 42°C inkubiert. Für die Hybrididsierung über Nacht wurde die Prähybridisierungslösung mit 1,5 x 10⁶ cpm/ml Lösung denaturierter, radioaktiv markierter Probe ergänzt. Unspezifisch gebundene, radioaktive DNA wurde unter stringenten Bedingungen, d.h. durch drei fünfminütige Waschschritte mit 2 x SSC; 0,1 % SDS bei 55 bis 65 °C entfernt. Die Auswertung erfolgte durch Autoradiographie der Filter.

Die in dieser Primäruntersuchung identifizierten Phagenklone wurden aufgereinigt Ausubel et al. (1987). In weitergehenden Analysen stellte sich ein Phagenklon P12 als potentiell positiv heraus. Eine λ -DNA Präparation dieses Phagens Ausubel et al. (1987) und der nachfolgende Restriktionsverdau mit Enzymen, die das genomische Insert in Fragmenten freisetzen, zeigte, daß dieser Phagenklon ein ca. 15 kb Insert im Vektor enthält (Fig. 2).

Zur Isolierung der vollständigen hTC-Gensequenz wurden in unabhängigen Experimenten jeweils 1 bis 1,5 x 10⁶ Phagen mit jeweils verschiedenen radioaktiv markierten Sonden wie oben beschrieben durchmustert. Die in diesen Primäruntersuchungen identifizierten, für die entsprechenden Sonden positiven Phagenklone wurden aufgereinigt. Der Phagenklon P17 wurde mit einem etwa 250 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1787 bis 2040 der Fig. 6) gefunden. Der Phagenklon P2 wurde mit einem etwa 740 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1685 bis 2349 plus 2531 bis 2607 der Fig. 6 [Deletion 2; vergl. Beispiel 5]) identifiziert. Die Phagenklone P3 und P5 wurden mit einem 420 bp langen 3' hTC-cDNA Fragment (Position 3047 bis 3470 der Fig. 6) gefunden. Nach λ-DNA Präparation dieser Phagen und nachfolgendem Restriktionsverdau mit Enzymen, die das genomische Insert in Fragmenten freisetzen, wurden die Inserts in Plasmide umkloniert (Beispiel 4).

Beispiel 3

4

Um zu untersuchen, ob auch das 5'-Ende der hTC-cDNA im Insert des rekombinanten Phagenklons P12 vorliegt, wurde λ-DNA dieses Klons in einer Southern Blot Analyse mit einem radioaktiv markierten etwa 440 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1 bis 440 der Fig. 6) aus dem extremen 5'-Bereich hybridisiert (Fig. 3).

Da die isolierte λ-DNA des positiven Klons auch mit dem extremen 5'-Ende der hTC-cDNA hybridisiert, enthält dieser Phage wahrscheinlich auch den das ATG-Startcodon flankierenden 5'-Sequenzbereich.

Beispiel 4

25

20

5

10

Um das gesamte 15 kb lange Insert des positiven Phagenklons P12 in Teilfragmenten umzuklonieren und anschließend zu sequenzieren, wurden zum DNA-Verdau Restriktionsendonukleasen ausgewählt, die zum einem das gesamte Insert aus EMBL3 Sp6/T7 freisetzen (vgl. Beispiel 2) und zusätzlich im Insert schneiden.

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

23

4

Insgesamt wurden ein etwa 8,3 und ein etwa 6,5 kb langes Xho I-Subfragment sowie ein etwa 8,5, ein etwa 3,5 und ein etwa 3 kb langes Sac I-Teilfragment in den Vektor pBluescript KS(+) (Fa. Stratagene) umkloniert. Durch Sequenzanalyse dieser Fragmente wurde die Nukleotidsequenz von 5123 bp 5'-flankierenden des ghTC-Genbereichs, ausgehend vom ATG-Startcodon bestimmt (Fig. 4; entsprechend SEQ ID NO 1). In der Fig. 4 sind die ersten (ausgehend vom ATG-Startcodon) 5123 bp dargestellt. In der Fig. 10 (entsprechend SEQ ID NO 3) die gesamte klonierte 5' Sequenz.

Um das gesamte ca. 14,6 kb große Insert des Phagenklons P17 in Teilfragmenten umzuklonieren, wurden zum DNA-Verdau Restriktionsendonukleasen ausgewählt, die zum einen das gesamte Insert aus EMLB3 Sp6/T7 freisetzen und zusätzlich einige Male im Insert schneiden. Durch Kombinationsverdau mit den Enzymen XhoI und BamHI wurden ein 7,1 kb, ein 4,2 kb und ein 1,5 kb großes XhoI-BamHI-Fragment sowie ein 1,8 kb großes BamHI-Fragment subkloniert. Der Kombinations-Restriktionsverdau mit den Enzymen XhoI und XbaI führte zur Klonierung von einem 6,5 kb großen XhoI-XbaI-Fragment, einem 6,5 kb und einem 1,5 kb großem XhoI-Fragment.

Die Umklonierung des ca. 17,9 kb großem Inserts des Phagenklons P2 in Subfragmente erfolgte durch Verdau mit dem Restriktionsenzym XhoI. Insgesamt wurde ein 7,5 kb, ein 6,4 kb sowie ein 1,6 kb langes XhoI-Subfragment kloniert. Durch Verdau mit dem Restriktionsenzym SacI wurde zusätzlich ein 4,8 kb, ein 3 kb, ein 2 kb sowie ein 1,8 kb großes SacI-Fragment subkloniert.

25

5

Das ca. 13,5 kb große Insert des Phagenklons P3 wurde durch Verdau mit den Restriktionsenzymen SacI bzw. XhoI subkloniert. Dabei wurden ein 3,2 kb, ein 2 kb, ein 0,9 kb, ein 0,8 kb, ein 0,65 kb und ein 0,5 kb langes SacI-Subfragment sowie ein 6,5 kb und ein 4,3 kb langes XhoI-Subfragment erhalten.

WO 99/33998

Die Subklonierung des ca. 13,2 kb großen Inserts des Phagenklons P5 erfolgte durch Verdau mit den Restriktionsenzymen SacI bzw. XhoI. Insgesamt wurden SacI-Fragmente von 6,5 kb, 3,3 kb, 3,2 kb, 0,8 kb und 0,3 kb Größe sowie XhoI-Fragmente von 7 kb und 3,2 kb Größe subkloniert.

24

PCT/EP98/08216

5

10

15

20

25

30

Zur Klonierung des 3' von Phagenklon P17 und 5' von Phagenklon P2 gelegenen hTC-genomischen Sequenzbereichs wurden 3 Genomic Walkings mit Hilfe des GenomeWalker™ Kits der Firma Clontech (Katalognummer K1803-1) und verschiedenen Primerkombinationen durchgeführt. In einem Endvolumen von 50 µl wurde 1 µl humaner GenomeWalker Library HDL (Fa. Clontech) mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xKlen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1xAdvantage Klen Taq Polymerase Mix (Fa. Clontech) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden 10 pmol eines internen genspezifischen Primers sowie 10 pmol des Adaptor Primers API (5'-GTAATACGACTCACTATAGGGC-3'; Fa. Clontech) zugefügt. Die PCR wurde als Touchdown-PCR in 3 Schritten durchgeführt. Zunächst wurde über 7 Zyklen für 20 sec bei 94°C denaturiert und anschließend für 4 min bei 72°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert. Es folgten 37 Zyklen bei denen für 20 sec die DNA bei 94°C denaturiert wurde, die anschließende Primerverlängerung aber für 4 min bei 67°C erfolgte. Abschließend folgte eine Kettenverlängerung für 4 min bei 67°C. Im Anschluß an diese erste PCR wurde das PCR-Produkt 1:50 verdünnt. Ein µl dieser Verdünnung wurde in einer zweiten "nested" PCR zusammen mit 10 pmol dNTP-Mix in 1xKlen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1xAdvantage Klen Taq Polymerase-Mix sowie 10 pmol eines "nested" genspezifischen Primers und 10 pmol des "nested" Marathon Adaptor Primers AP2 (5'-ACTATAGGGCACGCGTGGT-3'; Fa. Clontech) eingesetzt. Die PCR-Bedingungen entsprachen den in der ersten PCR gewählten Parametern. Als einzige Ausnahme wurden im ersten PCR-Schritt statt 7 Zyklen nur 5 Zyklen gewählt und im zweiten PCR-Schritt statt 37 Zyklen nur 24 Zyklen durchlaufen. Produkte dieser Nested-GenomicWalking-PCR wurden in den TA-Cloning Vektor pCRII der Fa. InVitrogen kloniert.

:

WO 99/33998

25

PCT/EP98/08216

Im ersten Genomic Walking wurde der genspezifische Primer C3K2-GSP1 (5'-GACGTGGCTCTTGAAGGCCTTG-3') sowie der "nested" genspezifische Primer C3K2-GSP2 (5'-GCCTTCTGGACCACGGCATACC-3') zusammen mit der HDL-Library 4 eingesetzt und ein 1639 bp langes PCR-Fragment erhalten. Im zweiten Genomic Walking wurde mit dem genspezifischen Primer C3F2 (5'-CGTAGTTGAGCACGCTGAACAGTG-3') und dem "nested" genspezifischen Primer C3F (5'-CCTTCACCCTCGAGGTGAGACGCT-3') aus der HDL-Library 4 ein PCR-Fragment von 685 bp Länge amplifiziert. Der dritte Genomic Walking Ansatz führte unter Einsatz des genspezifischen Primers DEL5-GSP1 (5'-GGTGGATGTGACGGGCGCGTACG-3') und des "nested" genspezifischen Primers C5K-GSP1 (5'-GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGC-3') zur Klonierung eines 924 bp PCR-Fragments aus der HDL-Library 1. Insgesamt wurden durch dieses Genomic Walking-Verfahren 2100 bp der 3' von Phagenklon P17 gelegenen genomischen hTC-Region identifiziert (s. Fig. 7).

15

20

25

10

5

Die subklonierten Fragmente sowie die Genomic Walking-Produkte wurden einzelsträngig sequenziert. Unter Verwendung der Lasergene Biocomputing Software (DNASTAR Inc. Madison, Wisconsin, USA) wurden überlappende Bereiche identifiziert und Contigs gebildet. Insgesamt wurden aus den gesammelten Sequenzen der Phagenklone P12, P17, P2, P3 und P5 sowie den Sequenzdaten aus dem Genomic Walking 2 große Contigs zusammengestellt. Contig 1 besteht aus Sequenzdaten von Phagenklon P12, P17 und den Sequenzdaten aus dem Genomic Walking. Contig 2 wurde aus den Sequenzen von Phagenklon P2, P3 und P5 zusammengesetzt. Überlappende Phagenklonbereiche sind in Fig. 7 schematisch dargestellt. Die Sequenzdaten der 2 Contigs sind nachfolgend dargestellt. Das ATG Startcodon in Contig 1 ist unterstrichen. Das TGA Stopcodon ist in Contig 2 unterstrichen.

Contig1:

	ACTTGAGCCC	AAGAGTTCAA	GGCTACGGTG	AGCCATGATT	GCAACACCAC .	ACGCCAGCCT	TGGTGACAGA	70
	ATCACACCCCT .	CTCTCDDDDD .		AATTGAAATA	ATATAAAGCA '	TCTTCTCTGG	CCACAGTGGA	140
5	ACAAAACCAG	ABATCARCAR	CARCACCAAT	TTTCAAAACT	ATACAAACAC	ATGAAAATTA	BACAATATAC	210
,	ACAMAACCAG	AAAICAACAA	CAMGAGGAAI	TITOMAMOCI	ALMORANCAC .	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	CABATCATAA	200
	TTCTGAATGA	CCAGTGAGTC .	AATGAAGAAA	TTAAAAAGGA	AATTGAAAAA	IIIAIIIAAG	CANATONIAN	260
	CGGAAACATA	ACCTCTCAAA	ACCCACGGTA	TACAGCAAAA	GCAGTGCTAA	GAAGGAAGTT	TATAGCTATA	330
	AGCAGCTACA	TCAAAAAAGT :	AGAAAAGCCA	GGCGCAGTGG	CTCATGCCTG	TAATCCCAGC	ACTTTGGGAG	420
	GCCAAGGCGG	GCAGATCGCC	TGAGGTCAGG	AGTTCGAGAC	CAGCCTGACC .	AACACAGAGA	AACCITGICG	490
10	CTACTAAAAA	TACABARTTA	GCTGGGCATG	GTGGCACATG	CCTGTAATCC	CAGCTACTCG	GGAGGCTGAG	560
	CCACCATAAC	CCCTTCAACC	CAGGAGGTGG	ACCTTCCCGT	GAGCCGGGAT	TGCGCCATTG	GACTCCAGCC	630
	TGGGTAACAA GATGCACCTT	CACTIONACC	CTCTCTCAAC	*********	BACTBCABAB	TARAGATTO	ACAACCTAAT	700
	TGGGTAACAA	GAGIGAAACC	CIGICICANG	~~~~~~	ANGI NOMAN	CE2222C22	ACAABTAATA	770
	GATGCACCTT	AAAGAACTAG	AAAAGCAAGA	GCAAACTAAA	CCTAAAATTG	GIAAAAGAAA	AUAAA I AA I A	240
	AAGATCAGAG	CAGAAATAAA	TGAAACTGAA	AGATAACAAT	ACAAAAGATC	AACAAAATTA	AAAGTTGGTT	840
15	TTTTGAAAAG	ATABACABAA	TTGACAAACC	TTTGCCCAGA	CTAAGAAAAA	AGGAAAGAAG	ACCTAAATAA	910
	ATAAAGTCAG	AGATGAAAAA	AGAGACATTA	CAACTGATAC	CACAGAAATT	CAAAGGATCA	CTAGAGGCTA	980
	CTATCACCAA	CTGTACACTA	ATABATTGAA	ABACCTAGAA	AAAATAGATA	AATTCCTAGA	TGCATACAAC	1050
	CINIONOCAN	TGAACCATGA	ACABATCCAA	ACCCCAABCA	CACCAATAAC	AATBATGGGA	TTABAGCCAT	1120
	CTACCAAGAT	TGAACCATGA	AGAAATCCAA	ACCICAMACA	CACCAMIANC	~~~~~~~~~~~	CCARTCRTT	1190
20	AATAAAAAGT	CTCCTAGCAA	AGAGAAGCCC	AGGACCCAAT	GGCTTCCCTG	CIGGATITIA	CCARICATTI	1130
20	AAAGAAGAAT	GAATTCCAAT	CCTACTCAAA	CTATTCTGAA	AAATAGAGGA	AAGAATACTT	CCAAACTCAT	1260
	TCTACATGGC	CAGTATTACC	CTGATTCCAA	AACCAGACAA	AAACACATCA	AAAACAAACA	AACAAAAAA	1330
	CAGAAAGAAA	GAAAACTACA	GGCCAATATC	CCTGATGAAT	ACTGATACAA	AAATCCTCAA	CAAAACACTA	1400
	CCARACCRAR	TTRABCABCA	CCTTCGAAAG	ATCATTCATT	GTGATCAAGT	GGGATTTATT	CCAGGGATGG	1470
	A A C C A T C C T T	CAACATATGC	ABATCAATCA	ATCTCATACA	TCATCCCAAC	AAAATGAAGT	ACAAAAACTA	1540
25	MAGGATGGTT	CANCALAIGC	AMAICANICA	AIGIGAIACA	TONICCOARC	CTTC1TC1TC	AAAACCCTCA	1610
25	TATGATTATT	TCACTTTATG	CAGAAAAAGC	ATTTGATAAA	ATTCTGCACC	CITCATGATA	AAAACCCICA	1010
	3 CCCCC 3 3 CCC	~~~ ス・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・	CTTCCCCCCC	CCACTTTCAC	ACTACCCTCC	CCDBCDBBBT	GAGACCTGGT	1/50
	CTACAAAAAA	CTTTTTTAAA	AAATTAGCCA	GGCATGATGG	CATATGCCTG	TAGTCCCAGC	TAGTCTGGAG	1820
	CCTCACCTCC	GAGAATCACT	TARGCCTAGG	AGGTCGAGGC	TGCAGTGAGC	CATGAACATG	TCACTGTACT	1890
30	CCACCCEACA	CAACAGAACA	ACACCCCACT	CANTABCARG	AAGGAGAAGG	AGAAGGGAGA	AGGGAGGGAG	1960
50	CCAGCCIAGA	CAACAGAACA	AGACCCCACI	CCACAACECC	AACCCCAACC	CCAACCEAAA	CACCAACAAC	2030
	AAGGGAGGAG	GAGGAGAAGG	AGGAGGTGGA	GGAGAAGTGG	AAGGGGAAGG	TARREST CA	AAAAACTCAA	2100
	AAGAAACATA	TTTCAACATA	ATAAAAGCCC	TATATGACAG	ACCGAGGTAG	TATTATGAGG	AAAAACIGAA	2100
	AGCCTTTCCT	CTAAGATCTG	GAAAATGACA	AGGGCCCACT	TTCACCACTG	TGATTCAACA	TAGTACTAGA	21/0
	AGTCCTAGCT	AGAGCAATCA	GATAAGAGAA	AGAAATAAAA	GGCATCCAAA	CTGGAAAGGA	AGAAGTCAAA	2240
35	ア ずれずごごでで	TCCACATCAT	ATCATCTTAT	ATCTGGAAAA	CACTTAAGAC	ACCACTAAAA	AACTATTAGA	2310
55	CCTCAAATTT	GGTACAGCAG	CATACAAAAT	CAATGTACAA	AAATCAGTAG	TATTTCTATA	TTCCAACAGC	2380
	GCIGAAATTI	AAAAAGAAAC	CALACAMAAI	COMISSIACA	AAAICAGIAG	CCTAGGAATT	AACCAAAGAA	2450
	AAACAATCIG	AAAAAGAAAC	CAAAAAAGCA	GCIACAAAIA	AAATTAAACA	GCIAGGAAII	AAAAAAAAAA	2520
	GTGAAAGATC	TCTACAATGA	AAACTATAAA	ATGTTGATAA	AAGAAATTGA	AGAGGGCACA	AAAAAAAAAA	2520
	AGATATTCCA	TGTTCATAGA	TTGGAAGAAT	AAATACTGTT	AAAATGTCCA	TACTACCCAA	AGCAATITAC	2590
40	カカカササぐみみずご	CAATCCCTAT	TAAAATACTA	ATGACGTTCT	TCACAGAAAT	AGAAGAAACA	ATTCTAAGAT	2660
	TTCTACAGAA	CCACAAAAGA	CCCAGAATAG	CCABAGCTAT	CCTGACCAAA	AAGAACAAAA	CTGGAAGCAT	2/30
	CACATTACCT	CACTTCAAAT	TATACTACAA	AGCTATAGTA	ACCCAAACTA	CATGGTACTG	GCATAAAAAC	2000
	ACATCACACA	TGGACCAGAG	CARCAGAATA	GAGAATCCAG	AAACAAATCC	ATGCATCTAC	AGTGAACTCA	2870
	AGATGAGACA	AGGTGCCAAG	DAACAGAATA	CCCCAAAACA	TANCHARICO	AATAAATGGT	GCTGGAGGAA	2940
4.5	TTTTTGACAA	AGGTGCCAAG	AACATACTTT	GGGGAAAAGA	IMMICICITIC	MINNIGGI	ABITCABART	2010
45	CTGGATATCC	ATATGCAAAA	TAACAATACT	AGAACTCTGT	CTCTCACCAT	ATACAAAAGC	MANICAMANI	3010
	GGATGAAAGG	CTTAAATCTA	AAACCTCAAA	CTTTGCAACT	ACTAAAAGAA	AACACCGGAG	AAACTCTCCA	3080
	CCACAMMCCA	CTCCCCAAAC	れたママケマでんり	マススマサぐくくてく	CACCCACAGG	CAACCAAAGC	AAAAACAGAC	טכזנ
	********	みずみずぐみみごすず	AAAAACCTTC	TCCCCACCAA	ACCABACAAT	CAACAAAGAG	AAGAGACAAC	3220
	CCACACAAATC	CCACABTATA	マイヤにこりりりにて	8777877788	CANCCANTTA	ATAACCAGTA	TATATAAGGA	3290
50	CCACAGAATG	CTCTATAAGA AATAAGTCAT	111000000	ATTACCTCAT	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	ANCCAANACA	TCTGGGTAGA	3360
50	GCTCAAACTA	CTCTATAAGA	AAAACACCIA	ATAAGCTGAT	IIICAAAAAI	ANGCAMAGA	CTCATCATCA	3430
	CATTTCTCAA	AATAAGTCAT	ACAAATGGCA	AACAGGCATC	TGAAAATGTG	CICAACACCA	CIGNICATOR	3430
	CACBBBTCCB	DATEBBBBET	ACTATGAGAG	ATCATCTCAT	CCCCAGTTAAA	AIGGLIIIA	TICHMONONC	2200
	3 CCC 8 8 TR 8 C	************	CACCATCTCC	3733336633	. ACCCTTGGAC	ACTGTTGGTG	GGAATGGAAA	. 33/0
	サポアアポリアアリア	TATCCACAAC	ACTTTCAAAC	TTCCTCAAAA	TAAAAAAT	AAAGCTACCA	INCHUCANIC	3040
55								
55	CCALIGCIAG	TTCATAGCAG	CCAACCETEC	CARCCARCCT	CACTCTCCAT	CARCAGACGA	ATGGAAAAAG	3780
	TGCAGCACTG	TICATAGCAG	CCAAGGIIIG	GANGCAACCI	CAGIGICCAI	TCACATCCTC	TCACTTCCAA	3850
	AAAATGTGGT	GCACATACAC	AATGGAGTAC	TACGCAGCCA	TAAAAAAGAA	IGAGAICCIG	TCAGIIGCAA	2020
	CAGCATGGGG	GCACATACAC GGCACTGGTC	AGTATGTTAA	GTGAAATAAG	CCAGGCACAG	AAAGACAAAC	TITICATGIT	3720
60	CCTCCCCCAC	* ACCCTCACTA	GAGTCAACAA	TAATTTATT	TATGTTTTAA	AATAACTAAA	MONGINIANI	4000
	でにはたずずにずずず	• "" " " " " " " " " " " " " " " " " " "	CALACCATAA	ATCCTTGAAC	: GTGACAGATA	CCCCATTTAC	CCIGAIGIGA	4130
	ምም እምም እር እር እ	・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・	CTBTCBBBBT	NTCTCATCT:	TGCTATAGAT	ATAAACCCCTA	CININIIAAA	4200
	IIAIIACACA	TTAATGGCCA	CCCACCCACC	. CECTERIOIS	- TARRECCERCE	ACTTTGGGAG	GCCGAGGGGG	4270
	AATTAAAATT	TTAATGGCCA	GGCACGGIGG	CICALGICCO	IMMICCONGC	ACTITIOGONG	CTACTARAGA	4340
15	GTGGATCACC	TGAGGTCAGG	AGTTTGAAAC	CAGTCTGGCC	ACCATGATGA	AACCCIGICI	CINCIANAGA	4410
65	TRCABABATT	* ************************************	CCTCCCACAT	• BCCTGTBGT(· CCBBCTBCTC	AGGAGGCTGA	GACAGGAGAA	r aato
	サイン・サイン カイ	· crecentece	CACCTTCCAC	: TENGCCENG!	N TONTGOORDO	GCACTGCAGC	CIGGGIGACA	1 446 0
	C 2 C C 2 B C 2 C 7	, <i></i>			C ATTABABTTE	TAATTTTAT	GIACLGIAIA	. 4330
	********	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • 	. ACABCTTAAR		המממדמדים ב	GTAATTAACC	ACTIAATOTA	1 40ZU
	*******	. ,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,			8 8 6788886 77	ATTRICCCACGA	LUCCAGAMA	. 4030
70	MANIAAGAA	ANIGIAIGIG	CONTRACTOR	. TELCIGANO	· VATUALINA	TABCTCACTT	DATTTTAACO	4760
70	GTGAGGAGGG	AACAGTGGAA	GTTACTGTT	TTAGACGCT	AIACTUTUTO	CACCASSACI	TCCTCARACC	. 4037
	ጥ አ አ ጥር ጥር ጥ አ ባ	г ጥአኔጥጥአ ፖርኤ፤	TAATTACACI	1 TATCTCTAA	A ATCGAGCTGC	AGAATTGGCA	, CGICIGAIC	4 4700
	C & C C C T C C T C	- ~~~~~~~~~~	: TCCTTTTTTT	ר השתנתנתנה	Τ ΤΕΓΑΓΑΤΤΤΊ	CGATTGTGTC	TICGIGITIE	3 4316
	CTTBBBCTT	N NTCTCTNTCI	ATCCTCAAA	CABABATGG	T GGTGATTTCC	: TCCAGAAGAA	I TTAGAGTAC	2 2044
75	TGGCAGGAA	CACCTCCCTC	TOTOGRACOT	AGCCACTTC	A ATCTTCAAGO	GTCTCTGGCC	AAGACCCAG	3 5110
, ,	ANDONOO!	~ . ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~						

:

TGCAAGGCAG AGGCCTGATG ACCCGAGGAC AGGAAAGCTC GGATGGGAAG GGGCGATGAG AAGCCTGCCT 5180
CGTTGGTGAG CAGCGCATGA AGTGCCCTTA TTTACGCTTT GCAAAGATTG CTCTGGATAC CATCTGGAAA 5250
AGGCGGCCAG CGGGAATGCA AGGAGTCAGA AGCCTCCTGC TCAAACCCAG GCCAGCAGCT ATGGCGCCCA 5320 CCCGGGCGTG TGCCACAGGG AGAGGAGTCA AGGCACCTCG AAGTATGGCT TAAATCTTTT TTTCACCTGA 5390 AGCAGTGACC AAGGTGTATT CTGAGGGAAG CTTGAGTTAG GTGCCTTCTT TAAAACAGAA AGTCATGGAA 5460 5 GCACCCTTCT CAAGGGAAAA CCAGACGCCC GCTCTGCGGT CATTTACCTC TTTCCTCTCT CCCTCTCTTG 5530 CCCTCGCGGT TTCTGATCGG GACAGACTGA CCCCCGTGGA GCTTCTCCCA GCCCGTGCTG AGGACCCTCT 5600
TGCAAAGGGC TCCACAGACC CCCGCCCTGG AGAGAGGAGT CTGAGCCTGG CTTAATAACA AACTGGGATG 5670 TGGCTGGGGG CGGACAGCGA CGGCGGGATT CAAAGACTTA ATTCCATGAG TAAATTCAAC CTTTCCACAT 5740
CCGAATGGAT TTGGATTTTA TCTTAATATT TCTTAAATT TCATCAAATA ACATTCAGGA CTGCAGAAAT 5810
CCAAAGGCCT AAAACAGGAA CTGAGCTATG TTTGCCAAGG TCCAAGGACT TAAATACCAT GTTCAGAGGG 5880
ATTTTTCGC CTAAGTACTT TTTATTGGTT TTCATAAGGT GCTTAGGGT CAAAGGAAAA GTACACCAGG 5950
AGAGGCCTGG GCGGCAGGGC TATGAGCACG CCAGGGCCAC GCGGGAGAGA GTCCCCGGCC TGGGAGGCTG 6020
ACAGCAGGAC CACTGACCGT CCTCCCTGGG AGCTGCCACA TTGGGCAACG CGAAGGGGAC ACCGCTGCGT 6090 10 15 GTGACTCAGG ACCCCATACC GGCTTCCTGG GCCCACCCAC ACTAACCCAG GAAGTCACGG AGCTCTGAAC 6160 CCGTGGAAAC GAACATGACC CTTGCCTGCC TGCTTCCCTG GGTGGGTCAA GGGTAATGAA GTGGTGTGCA 6230 GGAAATGGCC ATGTAAATTA CACGACTCTG CTGATGGGGA CCGTTCCTTC CATCATTATT CATCTTCACC 6300 CCCAAGGACT GAATGATTCC AGCAACTTCT TCGGGTGTGA CAAGCCATGA CAAAACTCAG TACAAACACC 6370
ACTCTTTTAC TAGGCCCACA GAGCACGGSC CACACCCCTG ATATATTAAG AGTCCAGGAG AGATGAGGCT 6440
GCTTTCAGCC ACCAGGCTGG GGTGACAACA GCGGCTGAAC AGTCTGTTCC TCTAGACTAG TAGACCCTGG 6510 20 CAGGGACTCC CCCAGATTCT AGGGCCTGGT TGCTGCTTCC CGAGGGCGCC ATCTGCCCTG GAGACTCAGC 6580 CTGGGGTGCC ACACTGAGGC CAGCCCTGTC TCCACACCCT CCGCCTCCAG GCCTCAGCTT CTCCAGCAGC 6550 TTCCTAAACC CTGGGTGGGC CGTGTTCCAG CGCTACTGTC TCACCTGTCC CACTGTCTT TGTCTCAGCG 6720 25 30 35 40 45 50 CGTCTCTTGA CATATTCACA GTTTCTTGA CCACCTGTTA TCCCATGGGA CCCACTGCAG GGGCAGCTGG 8820
GAGGCTGCAG GCTTCAGGTC CCAGTGGGGT TGCCATCTGC CAGTAGAAAC CTGATGTAGA ATCAGGGCGC 8890
AAGTGTGGAC ACTGTCCTGA ATCTCAATGT CTCAGTGTGT GCTGAAACAT GTAGAAATTA AAGTCCATCC 8960 55 CTCCTACTCT ACTGGGATTG AGCCCCTTCC CTATCCCCCC CCAGGGGCAG AGGAGTTCCT CTCACTCCTG 9030
TGGAGGAAGG AATGATACTT TGTTATTTTT CACTGCTGGT ACTGAATCCA CTGTTTCATT TGTTGGTTTG 9100
TTTGTTTTGT TTTGAGAGGC GGTTTCACTC TTGTTGCTCA GGCTGGAGGG AGTGCAATGG CGCGATCTTG 9170 TTTGTTTTGT TTTGAGAGGG GGTTTCACTC TTGTTGCTCA GGCTGGAGGG AGTGGAATGG CGCGATCTTG 9170
GCTTACTGCA GCCTGCCT CCCAGGTTCA AGTGATTCCC CTGCTTCCGC CTCCCATTG GCTGGGATTA 9240
CAGGCACCCG CCACCATGCC CAGCTAATTT TTTGTATTTT TAGTAGAGAC GGGGGTGGGT GGGGTTCACC 9310
ATGTTGGCCA GGCTGGTCTC GAACTTCTGA CCTCAGATGA TCCACCTGCC TCTGCCTCCT AAAGTGTGG 9380
GATTACAGGT GTGGGCCACC ATGCCCAGGCT CAGAATTTAC TCTGTTTAGA AACATCTGGG TCTGAGGTAG 9450
GAAGCTCACC CCACTCAAGT GTTGTGGTGT TTTAAGCCAA TGATAGAATT TTTTTATTGT TGTTAGAACA 9520 60 65 70 GCCTGGACCC CGAGGCTGCC CTCCACCCTG TGCGGGCGGG ATGTGACCAG ATGTTGGCCT CATCTGCCAG 10360 ACAGAGTGCC GGGCCCAGG GTCAAGGCCG TTGTGGCTGG TGTGAGGCGC CCGGTGCGCG GCCAGCAGGA 10430 GCGCCTGGCT CCATTTCCCA CCCTTTCTCG ACGGGACCGC CCCGGTGGGT GATTAACAGA TTTGGGGTGG 10500 75

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

TTTGCTCATG GTGGGGACCC CTCGCCGCCT GAGAACCTGC AAAGAGAAAT GACGGGCCTG TGTCAAGGAG 10570 TTTGCTCATG GTGGGGACCC CTCGCCGCCT GAGAACCTGC AAAGAGAAAT GACCGGCCTG GTCAAGGAGATCC CCCAAGTCGC GGGGAAGTGT TGCAGGGAGG CACTCCGGGA GGTCCCGCGT GCCCGTCCAG GGAGCAATGC 10640 GTCCTCGGGT TCCTCCCCTC ACGTCCGGCA TTCGTGGTGC 10710 CCGGAGCCCG ACGCCCGCG TCCGGACCTG GAGGCAGCCC TGGGTCTCCG GATCAGGCCA GCGCCCAAAG 10780 GGTCGCCGCA CGCACCTGTT CCCAGGGCCT CCACATCATG GCCCCTCCCT CGGGTTACCC CACAGCCTAG 10850 GGTCGCCGCA CGCACCTGTT CCCAGGGCCT CCACATCATG GCCCCTCCCT CGGGTTACCC CACAGCCTAG 10850
GCCGATTCGA CCTCTCTCCG CTGGGGCCCT CGCTGGCGCT CCTGCACCCT GGGAGCCGCA GCGGCGCGCG 10920
GCGGGGGAAG CGCGCCCCAG ACCCCCGGGT CCGCCCGAG CAGCTGCGCC GTGGGGCCA GCCCGGGCCT 10990
CCAGTGGATT CGCGGGCACA GACGCCCAG ACCGCCCTC CCACGTGCG GAGGACTGG GGACCCGGCC 11060
ACCCGTCCTG CCCCTTCACC TTCCAGCTCC GCCCCTCCC GCCCACCCC GCCCCTCCC 11200
GGGTCCCCGG CCCAGCCCC TCCGGGCCCT CCCAGCCCCT CCCCTTCCTT TCCGCGGCCC CGCCCCTCCC 11200
TCGCGGGCGC AGTTTCAGGC ACGCTGCGC CCCAGGCCCT CCCTTCCTT TCCGCGGCCC GGCCACCCCC 11270
GCGATGCCCG GCCTCCCCG CTGCCGAGCC GTCGCGCCC TCCTGCGCAG CCACCCCC 11270
CCGTTGCCCA GTTCCTCCG CGCCCCCC CCCAGGCCTG GCGGCTGGCG CACCCCC 11340
TTCCCCCCC CTGCTGCCCC AGTGCCCCC GCCCACCCC TGCGAGCCA GCCCCCCC CGCCCCCC 11480
TCCTTCCCC AGTGCCCC TCCCGGGGTC GGCGTCCGC TGGGGTCGG GGGACCAGC GGCACCCCC 11480 CONTEGECAC STREETECES CRECTEGES CREATESTEE TREESPACE TO THE CONTEGECAC CRECTEGES CREATESTEE CREATES ATCGAACGGC AGCTGCCTCA CACCTGCTGC GGCTCAGGTG GACCACGCCG ACTCAGATAA GCGTCATGCA 14350
ACCCAGTTTT GCTTTTGTG CTCCAGCTTC CTTCGTTGAG GAGAGTTTGA GTTCTCTGAT CAGGACTCTG 14420
CCTGTCATTG CTGTTCTCTG ACTTCAGATG AGGTCACAAT CTGCCCCTGG CTTATGCAGG GAGTGAGGGG 14490 TCTTGGTCAC CTCTCCGTTC CATTTTGCTA CGGGGACACG GGACTGCAGG CTCTCGCCTC CCGCGTGCCA 15260
GGCACTGCAG CCACAGCTTC AGGTCCGCTT GCCTCTGTTG GGCCTGGCTT GCTCACCACG TGCCCGCCAC 15330
ATGCATGCTG CCAATACTCC TCTCCCAGCT TGTCTCATGC CGAGGCTGGA CTCTGGGCTG CCTGTGTCTG 15400 CTGCCACGTG TTGCTGGAGA CATCCCAGAA AGGGTTCTCT GTGCCCTGAA GGAAAGCAAG TCACCCAGC 15470
CCCCTCACTT GTCCTGTTTT CTCCCAAGCT GCCCCTCTGC TTGGCCCCCT TGGGTGGGTG GCAACGCTTG 15540
TCACCTTATT CTGGGCACCT GCCGCTCATT GCTTAGGCTG GGCTCTGCCT CCAGTCGCCC CCTCACATGG 15610 ATTGACGTCC AGCCACAGGT TGGAGTGTCT CTGTCTGTCT CCTGCTCTGA GACCCACGTG GAGGGCCGGT 15680

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

CACTTTCARG TGTTCTTAAA ATACTTCAAA GTGTTAATAC TTCTTTTAAG TATCTTATT CTGTGATTT 15960
TTTCTTTGTG CACGCTGTGT TTTGAGCGTGA AATCATTTG ATATCAGTGA CTTTTAAGTA TTCTTTAGCT 16030
ATACCTAGGA TATCTTTAGGT CAGGCAGTA TTTGAACACT GTTTATGTC CAGGATGAGA GATTATCAGTA GAGTATCAAG 16100
ATACGTAGAG TATTTTAAGT TATCATTTA TTATGATTT CTAACTCAGT TGTGTAGTG TCTGTATAAA 16170
ACCARATTATT TGAAGCTTTC GAGAGCTTGC TTTGTGATCT AGTGTGTGCA TGGTTTCCAG AACTGTCCAT 16240
AGGCTTCTGT CTCCTTCTAG ATGCATGAGA TTCCAAGAAG GAGGCCATAG TCCCTCACCT GGGGGATGGG 16310
AGGCTCTGT TCTTCTCGTT TGGTAGCATT TATGTGAGGC ATTGTTAGGT GCATGCACGT GGTAGAAATTT 16450
TTATCTTCCT GATGAGGAA TCTTTTGGAG ACTTCTATGTAG TCCTCAGCAGT GGTAGAAATTC TTTTTTAAA 16520
TTGCTCTTAG TACTGCCACA CTGGGCTTC TTTGATTAG ATTTTCCTGC TGTGTCTGT TTCTGCCTT 16590
AATTTATATA TATATATATA TTTTTTTTT TTTTGAGACA GAGTCTTGGT CCTCTCCCCC GAGGGAGGGC 16630
AGTAGCTGGA ACTGCAGACA CGCACCGCTA CACCTGGCTA ATTTTTAAA TTTTTTTCTGA GACAAGGGTCT 16680 CACTITCAAG TGTTCTTAAA ATACTICAAA GTGTTAATAC TTCTTTTAAG TATTCTTATT CTGTGATTTT 15960 AGTAGCTGGA ACTGCAGGCA CGCACCGCTA CACCTGGCTA ATTTTTAAAT TTTTTCTGGA GACAGGGTCT 16800
TGCTGTGTTG CCCAGGCTGG TCTCAAACTC TTGGACTCAA GGGATCCATC TACCTCGGCT TCCCAAAGTG 16870
CTGAATTACA GGCATGAGCC ACCATGTCTG GCCTAATTTT CAACACTTTT ATATTCTTAT AGTGTGGGTA 16940 TGTCCTGTTA ACAGCATGTA GGTGAATTTC CAATCCAGTC TGACAGTCGT TGTTTAACTG GATAACCTGA 17010
TTTATTTTCA TTTTTTTGTC ACTAGAGACC CGCCTGGTGC ACTCTGATTC TCCACTTGCC TGTTGCATGT 17080
CCTCGTTCCC TTGTTTCTCA CCACCTCTTG GGTTGCCATG TGCGTTTCCT GCCGAGTGT TGTTGATCCT 17150 CTCGTTGCCT CCTGGTCACT GGGCATTTGC TTTTATTTCT CTTTGCTTAG TGTTACCCCC TGATCTTTT 17220
ATTCTCGTTG TTTGCTTTTG TTTATTGAGA CAGTCTCACT CTGTCACCCA GGCTGGAGTG TAATGGCACA 17290
ATCTCGGCTC ACTGCAACCT CTGCCTCCTC GGTTCAAGCA GTTCTCATTC CTCAACCTCA TGAGTAGCTG 17360 AAAAAAAAAA AATTCTAGTA GCCACATTAA AAAAGTAAAA AAGAAAAGGT GAAATTAATG TAATAATAGA 18620 TTTTACTGAA GCCCAGCATG TCCACACCTC ATCATTTAG GGTGTTATTG GTGGGAGCAT CACTCACAGG 18690 ACATTTGACA TTTTTTGAGC TTTGTCTGCG GGATCCCGTG TGTAGGTCCC GTGCGTGGCC ATCTCGGCCT 18760 ACATTTGACA TTTTTTGACC TTTGTCTGCG GGATCCCGTG TGTAGGTCCC GTGCGTGGCC ATCTCGGCCT 18760
GGACCTGCTG GGCTTCCCAT GGCCATGGCT GTTGTACCAG ATGGTGCAGG TCCGGGATGA GGTCGCCAGG 18830
CCCTCAGTGA GCTGGATGTG CAGTGTCCGG ATGGTGCAGG TCTGGGATGA GGTCGCCAGG CCCTGCTGTG 18900
ACCTGGATGT GTGGTGTCTG GATGGTGCAG GTCAGGGGTG AGGTCTCCAG GCCCTCGGTG AGCTGGAGGT 18970
ATGGAGTCCG GATGATGCAG GTCCGGGGTG AGGTCGCCAG GCCCTGGTG GAGCTGGAGG TGTGGTGTT 19040
GGATGGTGCA GGCCTGCGA GGCCCTGCTG TAGGTGGAGG TATGGAGTCC GAGTTGGGG 19180
CGCTCCGGGGT GAGGTCGCCA GGCCTGCTG TGAGCTGGAT GTGTGGTGTC TGGATGGTGC AGGTCTGGGG 19180
CCACCTGCAC AGGCCCCCAG GCCCTGCTG TGAGCTGGAT GTGTGGTGC TGGATGGTGC AGGTCTGGA GTGAGGTCCC 19250 GGATGGTGCA GGTCAGGGGT GAGGTCTCCA GGCCCTCGGT AAGCTGGAGG TATGGAGTCC GGATGATGCA 19110
GGTCCGGGGT GAGGTCGCCA GGCCCTGCT TGAGCTGGAT GTGTGGTGTC TGAGTGAGG AGGCCTGCG
TGAGGTCACC AGGCCCTGCG GTGAGCTGGG TGTGCGGTGT CTGGATGGTG CAGGTCTGGG GTGAGCTCG
CAGACCACC AGGCCCTGC GTGAGCTGG TGTGCGGTGT CTCGGATGGTG CAGGTCTGG GTGAGGTCC 19250
CCAGGCCCTG CTGTGAGTTG GGTGAGCTGG TCCGGATGGT CAGGTCTGG GTGAGGTCG 19320
CCTGGAGCT GGATGTGTG GATGTGGGT GTCCGGATG TCCGGATGGT GCAGGTCCG CCTGCTTGTG 19460
AGCTGGATGT GTGTGTGTG GATGTGCAG GTCCGGATGC GGGTGAAGG TCCGCAAGGC CCTGCTTGTG 19460
AGCTGGATGTCA GATGTGCAG GTCCGGATG AGGTCGCCAG GCCCTCGGTG ACCTGGATGT 19500
GGATGTGCAA GGTCTGGAGT GAGGTCCCCA GCCCTCGGTG AGCTGGATG TCCGGATGCC GGATGGTCC GGATGGTCC GGATGGTCC GGATGGTCCCA GGCCCTGGT AGCTCGCAAG GCCCTCGGT GAGCTGCCAA GCCCTGGTG AGCTGGATG TCAGGATGTCCA GGATGGTCCC AGCCCTCGGT GAGCTCCCAGGC GCCCTCGGTG AGCTGGATG TCAGGGTCCCCA GGCCCTGGT GAGCTCCCAGGCC CTGCTTGAGTC TAGGAGTCCCCA GGATGGTCC AGGCCCTCGGT GAGCTCGCAG GCCCTCGGT GAGCTCCCAGGCCCT CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC AGCCCTGGT GAGCTCGCAGGCCCT GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC CAGGCCCTC GTGAGGTCC CAGGCCCTC GTGAGGTT GCAGGCCCT GTGAGGTC GAGGTTAGAG TCCCAGGCCCT GTGAGGTC GCAGGCCCT GTGAGGTC GAGGTAGGT GCCAGGCCCT GTGAGGTC GCAGGCCCT GTGAGGTC GAGGTAGGT GCCAGGCCCT GTGAGGTC GCAGGCCCT GTGAGGTC GCAGGCCCT GGGTGAGGT GCCAGGCCCT GCTGAGGTC GCCAGGCCCT GCTGAGG CGGGGTGAGG TCGCCAGGCC CTGCGGTTAG CTGGATATGC GGTGTCCGGA TGGTGCAGGT CCGGGGTGAG 20720
GTCACCAGGC CCTGCGGTTA GCTGGATGT CCGGTGTCTGG ATGGTGCAGG TCGGGGTGA GGTGCCCAG 20790
CCCTGCTGTG AGCTGGATGT CCTGTATCCC GATGGTGCAG GTCCGCGAG AGGTCGCCAG GCCCTGCAGG 20860
AGGCTGGATG TGCTGTATCC GGATGGTGCA GGTCTGCCCA GGCCCTGCGG TTACCTGGAT 20930
ATGCGGTGTC GGATGGTGCA GGTCCGCGG GAGGTCACCA GGCCCTGCGG TTACCTGGAT CCGGATGGTC
CGGATGGTGC AGGTCTGCG AGGCCCTGCT GTGAGCTGGA TGTGCTGTAT CCGGATGGT 21070
CAGGTCCGGG GTGAGGTCGC CAGGCCCTG GGTGAGCTGG ATGTCGTTAT CCGGATGGT GCAGGTCTG 21140
CCGTGAGGTCG CCAGGCCCT CCGTGAGCTG ATGTGCTGTA TCCGGATGGT GCAGGTCTG 21140
CCCAGGCCCT CCGGTGGGCT GTACGGATGG GGGGGGCC GGGTGAGGTC 21210

4

	TGCGGTGAGC	TGGATGTGTG	GTGTCTGGAT	GCTGCAGGTC	CGGGGTGAGT	TCGCCAGGCC	CTCGGTGAGC	21350
	TEGATATECE	GTGTCCCCGT	GTCCGAATGG	TGCAGGTCCA	GGGTGAGGTC	GCCAGGCCCT	TGGTGGGCTG 2	21420
	CATCTCCCCT	GTCCGGATGG	TOCAGGTOTG	GGGTGAGGTC	GCCAGGCCCT	TGGTGAGCTG	GATGTGCGGT 2	21490
	GTCCGGATGG	TGCAGGTCCG	GGGTGAGGTC	ACCAGGCCCT	CGGTGATCTG	GATGTGGCAT	GTCCTTCTCG 2	21560
5	TTTAAGGGGT	TOGOTOTOTT	CCGGCCGCAG	AGCACCGTCT	GCGTGAGGAG	ATCCTGGCCA	AGTTCCTGCA	21630
•	CTCCCTCATC	ACTOTOTACO	TOGTOGAGOT	GCTCAGGTCT	TTCTTTTATG	TCACGGAGAC	CACGTTTCAA 7	21700
	AAGAACAGGC	TCTTTTTCTA	CCGGAAGAGT	GTCTGGAGCA	AGTTGCAAAG	CATTGGAATC	AGGTACTGTA 3	21770
	TCCCCACGCC	AGGCCTCTGC	TTCTCGAAGT	CCTGGAACAC	CAGCCCGGCC	TCAGCATGCG	CCTGTCTCCA :	21840
	CTTCCCTCTC	CTTCCCTGGC	TOTOCOLLIC	TEGECTEGEA	GCCAGGGGCC	CCGTCACAGG	CCTGGTCCAA	21910
10	CTCCATTCTC	TCCAACCCTC	TCACTCCCTG	CACCTCACCT	TCTCTTACTT	GTAAAATCAG	GAGTTTGTGC	21980
10	CARCTCTCT	CTACCCTTTC	TANACCAGAA	CCCATTTAAA	TTAGATGGAA	ACACTACCAC	TAGCCTCCTT	22050
	CAAGIGGICI	CCCATCTCCC	TCTCATTCTC	TCTCTCTTTT	TTTTTTTTTTT	TTTGAGATGG	AGTCTCACTC	22120
	#CTTCCCC1	CCTCCACTCC	ACTGCCATAA	TCTTGGCTCA	CTGCAACCTC	CACCTCCTGG	GTTTAAGCGA	22190
	TGTTGCCCAG	GCIGGAGIGC	AGIGGCATAA	CATTACACCC	ACCTGCCACC	ACGCCTGGCT	AATTTTTGTA	22260
15	TTCACCAGCC	ACACCCCCCTT	TCACCATCTT	CCCCACCCTC	CTCTCGAACT	CATGACCTCA	GGTGATCCAC	22330
13	CTTTTAGGAG	AGACGGGGTT	CCTCCCTTT	CACCCTAACC	CACCGTGCCC	AGCCCCCGAT	TCTCTTTTAA	22400
	CCACCTIGGC	CICCCAAAGI	TCTTC AATCT	ATTCCATTTA	CCTCATGAGA	GGATAAAATC	CCACCCACTT	22470
	TTCATGCTGT	TCIGIAIGAA	ACCTCTCCAC	CCACCACCTC	CCCATAGGAG	AGTTCCACCA	TGAGCTAACT	22540
	GGCGACTCAC	TUCAGGGAGC	#CCCTCTCAC	ATTTTCTCTC	CARTCTTCGG	CTGATGAGAG	TGTGAGATTG	22610
20	TCTAGGTGGC	IGCATITGAA	TCCATCACTC	ATTITIOTOTO	CCCCTCCTCT	GGGAGATGCC	AGCCTGGCTG	22680
20	TGACAGATTC	AAGCTGGATT	OFFICACION	MOGGACGGGA	CCTCACTCTC	CACCCCTTTA	GTCAGAAGAT	22750
	AGCCCAGGCC	ATGGTATTAG	CTTCTCCGTG	TCCCGCCCAG	CCCCCTTCTC	ACACCCCATC	CCCCAAATCA	22820
	CAGGGCTTCC	CCAGCTCCCC	TGCACACTCG	AGTCCCTGGG	COUCCITOIG	CTCTCCCCTC	CCCCAAATCA	22890
	GGATGTCTGC	AGAGGGAGCT	GGCAGCAGAC	CTCGTCAGAG	GIAACACAGC	CTCTGGGCIG	GGGACCCCGA	22960
0.5	CGTGGTGCTG	GGGCCATTTC	CTTGCATCTG	GGGGAGGGTC	AGGGCTTTCC	CIGIGGGAAC	AAGTTAATAC	22700
25	ACAATGCACC	TTACTTAGAC	TTTACACGTA	TTTAATGGTG	TGCGACCCAA	CATGGTCATT	TGACCAGTAT	23100
	TTTGGAAAGA	ATTTAATTGG	GGTGACCGGA	AGGAGCAGAC	AGACGTGGTG	GTCCCCAAGA	TGCTCCTTGT	23170
	CACTACTGGG	ACTGTTGTTC	TGCCTGGGGG	GCCTTGGAGG	CCCCTCCTCC	CTGGACAGGG	TACCGTGCCT	23270
	TTTCTACTCT	GCTGGGCCTG	CGGCCTGCGG	TCAGGGCACC	AGCTCCGGAG	CACCCGCGGC	CCCAGTGTCC	23240
	ACGGAGTGCC	AGGCTGTCAG	CCACAGATGC	CCAGGTCCAG	GTGTGGCCGC	TCCAGCCCCC	GTGCCCCCAT	23310
30	GGGTGGTTTT	GGGGGAAAAG	GCCAAGGGCA	GAGGTGTCAG	GAGACTGGTG	GGCTCATGAG	AGCTGATTCT	23380
	GCTCCTTGGC	TGAGCTGCCC	TGAGCAGCCT	CTCCCGCCCT	CTCCATCTGA	AGGGATGTGG	CTCTTTCTAC	23450
	CTGGGGGTCC	TGCCTGGGGC	CAGCCTTGGG	CTACCCCAGT	GGCTGTACCA	GAGGGACAGG	CATCCTGTGT	23520
	GGAGGGGCAT	GGGTTCACGT	GGCCCCAGAT	GCAGCCTGGG	ACCAGGCTCC	CTGGTGCTGA	TGGTGGGACA	23590
	GTCACCCTGG	GGGTTGACCG	CCGGACTGGG	CGTCCCCAGG	GTTGACTATA	GGACCAGGTG	TCCAGGTGCC	23660
35	CTCCBBCTBC	* ACCCCCTCTC	AGAGGCGTCT	GGCTGGCATG	GGTGGACGTG	GCCCCGGGCA	TGGCCTTCAG	23/30
	CGTGTGCTGC	CGTGGGTGCC	CTGAGCCCTC	ACTGAGTCGG	TGGGGGCTTG	TGGCTTCCCG	TGAGCTTCCC	23800
	CCTAGTCTGT	TGTCTGGCTG	AGCAAGCCTC	CTGAGGGGCT	CTCTATTGCA	GACAGCACTT	GAAGAGGGTG	23870
	CACCTCCCCC	ACCTGTCGGA	AGCAGAGGTC	AGGCAGCATC	GGGAAGCCAG	GCCCGCCCTG	CTGACGTCCA	23940
	CNCTCCCCTT	CATCCCCAAG	CCTGACGGGC	TGCGGCCGAT	TGTGAACATG	GACTACGTCG	TGGGAGCCAG	24010
40	A A C C TTC C C C	ACACABABCA	CCCTCCCTCT	CCTTTGGTTT	AACTTCCTTT	TTAAACAGAA	GTGCGTTTGA	24080
, •	CCCCCACATT	サンスでもかいしょう	TTACATCAAC	CCCCCCGAGG	AGGGGCCACG	GGACACAGCC	AGGGCCAIGG	24130
	CACCCCCCCA	************************************	CCCCACAGTG	AGGTGGCCGA	GGTGCCGGTG	CCTCCAGAAA	AGCAGCGTGG	24220
	CCCTCTBCCC	・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・	CCCCACCCAC	ACCUTUTGAG	GACCACAAGA	AGCAGCCGGG	CCAGGGCCTG	24290
	CARCCACCAC	COCCCCACCT	CCTGGATCCG	TGTCCTGCTG	TGGTGCGCAG	CCTCCGTGCG	CTTCCGCTTA	24300
45	CCCCCCCCCC	CONCONCEC	ACGACTGCCA	GGAGCCCACC	GGGCTCTGAG	GATCCTGGAC	CTTGCCCCCAC	24430
73	CCCTCCTCCT	CCCCACCCCT	CTCCCTCCCC	TGGCTGCGGT	GACCCCGTCA	TCTGAGGAGA	GTGTGGGGTG	24300
	ACCTCCACAC	. ACCTCTCCCA	TCACCATCCC	GTGTGCAACA	CACATGCGGC	CAGGAACCCG	TTTCAAACAG	24310
	CCTCTCTCTCT	NOCTOGGAGG	CCTTCTACCT	-CCCGGGTCTG	GGTGGCTGGG	GACACTGGGG	AGGGGGCTGCT	2404U
	TOTOCOCTO	CTCCCTATCC	TOGGGGGGGG	ACTTGGCCGG	ATCCACTTTC	CTGACTGTCT	CCCATGCTGT	24/10
50	CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC	CCCACCCACC	CACCTCGAGG	GTGAAGGCAC	TGTTCAGCGT	GCTCAACTAC	GAGCGGGCGC	24780
20	CCCCGCCAGG	CCCAGCGICI	CACCICGAGG	TGGGCCTGGA	CGATATCCAC	AGGGCCTGGC	GCACCTTCGT	24850
	CCTCCCTCTC	CCCCCCCGGG	* ACCCCCCCCCC	TGAGCTGTAC	TTTGTCAAGG	TGGGTGCCGG	GGACCCCCGT	24920
	COLGCGIGIC	COGGCCACCAC	CCCACTCCCT	CCCTCATTGG	CACCTCATGT	TGGGTGGAGG	AGGTACTCCT	24990
	CAGCAGCCC	CACCCACTC	ACCTCACCCT	GCCIGATIO	ACCACACACAC	TGGCACCTAG	GGTGGAGGCC	25060
55	GGGTGGGCCC	CAGGGAGIGG	. AGGIGACCCI	CTCTCTGTTC	TOUCHCACAC	GCTCCTATT	CCCAAGGAGG	25130
22	TTCAGCCTT	CCTGCAGCAC	A I GGGGGCCGA	ACCARCCCC	ACCCCTCAGO	CACCAGGCCC	CGGTGCCTTG	25200
	GTCCCACTG	ATTCCAGTT	CCGTCAGAGA	AGGAACCGCA	ACGGCICAGC	CACCAGGGGGG	CCTGCCCTTG	25270
	CACCCCAGT	CTGAGCCAGC	GGTCTCCTGT	CCTGAGGCTC	, AGAGAGGGG	* ACCCCCTGAG	CCCAGAGGTG	25340
	GGGTCTGGAG	G TGGTGGGGG1	CAGAGAGAGA	GIGGGGACA	CCGCCAGGC	CACCTCCATC	GGCAGAGGTG	25410
60	ATGTCTGAG	r TTCTGCGTGC	CCACTGTCAC	TCTCCTCGCC	TCCACTCACA	CAGGIGGAIG	TGACGGGCGC	25480
60	GTACGACAC	C ATCCCCCAGO	ACAGGCTCAG	GGAGGTCATC	GCCAGCATCA	TCAAACCCCA	GAACACGTAC	25550
	TGCGTGCGT	C GGTATGCCG1	GGTCCAGAAC	GCCGCCCATC	GGCACGTCCC	CAAGGCCIIC	AAGAGCCACG	25620
	TAAGGTTCA	C GTGTGATAG1	CGTGTCCAG	ATGTGTGTC	r CTGGGATATC	AATGTGTCTA	GAATGCAGTC	25600
	GTGTCTGTG	A TGCGTTTCT	TGGTGGAGG1	R ACTTCCATG	A TTTACACATO	TGTGATATGC	GTGTGTGGCA	25050
	この中に中に中に中に中に中に	C CTCCTCCAT(TATCTGTGG	GTGCATATT	r GTGGTGTGT		, ACGIGIGIGI	23.00
65	ことを中には中に中	C TCTCCCTCTC	: CTCTCCATC	r cretetetet	r GTGACACGT	CATGTTCATC	, clouding	23030
	C 3 WCWCWCW	ሮ አጥርጥርሮሮጥል፣	r **************	TCTCTCCATC	G TGTCCGTGAG	: ATATGCGTG1	CTATGGCATG	23900
	COTOTOTOT	C CCCCCTTGG	CTTACTCCT	r cctcctcca	G GCATGGTCC	G CACCATTGTC	CTCACGCTCT	23910
	CCCCTCCTC	C TTTCCCCAC	י דררמרמידר:	N GGGTCCTCAG	C TTCTAGCAT	G CGTGCCCCTC	, ICCIGICACA	20040
	CCCCTCCCC	C TTGGAGACT	TAAGCCAGG	r TTGAGAGGA	G AGTAGGGAT	G CTGGTGGTAG	CTTCCTGGAC	20110
70	CCCTCCCAC	C CCCRCCACC	C CACTCTGGC	- TATCCCCCC	T CCATGAGAT.	A TAGGAAGGC	GATTCAGGCC	50100
	TOTOTOTO	C CCACACACACT	C CTCCCAGAG	c GGCCGGGGG	C CTTGGGGCT	C GGCAGGGGT	S AAAGGGGCCC	20230
	サビビビビアサビビ	こ アサクロウをついて	A CTCCTCATG	A GCACGCTGG.	A GGGGTAAGC	C CTCAAAGTU	, IULLHUULLU	20320
	GGGTGCAGA	G GTGAAGAAG	T ATCCCTGGA	G CTTCGGTCT	G GGGAGAGGC	A CATGTGGAA	A CCCACAAGGA	20330
		C TGACTTCTT		•				26414
75								
1.3								

Contig 2:

	TGTGGGATTG	GTTTTCATGT	GTGGGATAGG	TGGGGATCTG	TGGGATTGGT	TTTTATGAGT	GGGGTAACAC	70
	AGAGTTCAAG	GCGAGCTTTC	TTCCTGTAGT	GGGTCTGCAG	GTGCTCCAAC	AGCTTTATTG	AGGAGACCAT	140
5	ATCTTCCTTT	GAACTATGGT	CGGGTTTATA	GTAAGTCAGG	GGTGTGGAGG	CCTCCCCTGG	GCTCCCTGTT	210
•	CTGTTTCTTC	CACTCTGGGG	TCGTGTGGTG	CCTGCTGTGG	TGTGTGGCCG	GTGGGCAGGG	CTTCCAGGCC	280
	TCCTTGTGTT	CATTGGCCTG	GATGTGGCCC	TGGCTACGCT	CCGTCCTTGG	AATTCCCCTG	CGAGTTGGAG	350
	GCTTTCTTTC	TTTCTTTTTT	TCTTTCTTTT	TTTTTTTTTT	TGATAACAGA	GTCTCGCTCT	TTTTTGCCCA	420
	GGCTGGAGTG	GTTTGGCGTG	ATCTTGGCTC	ACTGCAACCT	GTGCTTCCTG	AGTTCAAGCA	ATTCTCTTGC	490
10	CTCAGCCTCC	CAAGTAGCTG	GAATTATAGG	CGCCCACCAC	CATGCTGACT	AATTTTTGTA	ATTTTAGTAG	560
	AGACGAGGTT	TCTCCATGTT	GGCCAGGCTG	GTCTCGAACT	CCTGACCTCA	GGTGATCCTC	CCACCTCGGC	630
	CTCCCAAAGT	GCTGGGATGA	CAGGTGTGAA	CCGCCGCGCC	CGGCCGAGAC	TCGCTTCCTG	CAGCTTCCGT	700
	GAGATCTGCA	GCGATAGCTG	CCTGCAGCCT	TGGTGCTGAC	AACCTCCGTT	TTCCTTCTCC	AGGTCTCGCT	770
	AGGGGTCTTT	CCATTTCATG	ACTCTCTTCA	CAGAAGAGTT	TCACGTGTGC	TGATTTCCCG	GCTGTTTCCT	840
15	GCGTAATTGG	TGTCTGCTGT	TTATCGATGG	CCTCCTTCCA	TTTCCTTTAG	GCTTTGTTTA	TTGTTGTTTT	910
	TCCGGCTCCT	TGAAGGAAAA	GTTTCGATTA	TGGATGTTTG	AACTTTCTTT	TCTAAACAAG	CATCTGAAGT	980
	TGCCGTTTTC	CCTCTAAAGC	AGGGATCCCG	AGGCCCCTGG	CTGTGGAGTG	GCACCGGTCT	GGGGCCTGTT	1050
	AGGAACCCGG	CGCACAGCGG	GAGGCTAGGT	GGGGTGTGGG	GAGCCAGCGT	TCCCGCCTGA	GCCCCGCCCC	1120
	TCTCAGATCA	GCAGTGGCAT	GCGGTGCTCA	GAGGCGCACA	CACCCTACTG	AGAACTGTGC	GTGAGAGGGG	1190
20	TCTAGATTCT	GTGCTCCTTA	TGGGAATCTA	ATGCCTGATG	ATCTGAGGTG	GAACCGTTTG	CTCCCAAAAC	1260
	CATCCCCTTC	CCCACTGCTG	TCCTGTGGAA	AAATCGTCTT	CCACGAAACC	AGTCCCTGGT	ACCACAATGG	1330
	TTGGGGACCC	TGTGCTAAAG	ACCTGCTTCA	GCAGCCTCTC	GTCAGTGTTG	ATATATTGGC	TTTTCTGTGT	1400
	TGAGTCCAGA	ATAATTACGG	ATTTCTGTGA	TGCTTTCCGC	CGACCTCAGA	CCCATGGGCT	ATTTGTGGGC	1470
	GTGTTGCCTG	CTCCTGGGTT	GGGAAGGGTG	CAGGCCCCAT	GTACCTTCCT	GTTACTGCCT	TCCAGGTTGG	1540
25	TTCTCAGGGT	TGAATCGTAC	TCGATGTGGT	TTTAGCCCAC	GGCCCTGCCG	CCAGCTCCTG	GGGGCTGGGG	1610
	AACATGCTGA	AGCACAGAGT	CACCGTGCGC	GTCTTTTGAT	GCCTCACAAG	CTCGAGGCCT	CCTGTGTCCG	1680
	TGTTAGTGTG	TGTCACGTGC	CTGCTCACAT	CCTGTCTTGG	GGACGCAGGG	GCTTAGCAGG	TCCCGTAGTA	1750
	AATGACAAGC	GTCCTGGGGG	AGTCTGCAGA	ATAGGAGGTG	GGGGTGCCGG	TCTCTCTCCC	GCGTCTTCAG	1820
	ACTCTTCTCC	TGCCTGTGCT	GTGGCTGCAC	CTGCATCCCT	GCAATCCCTC	CAGCACTGGG	CTGGAGAGGC	1890
30	CCGGGAGCTC	GAGTGCCACT	TGTGCCACGT	GACTGTGGAT	GGCAGTCGGT	CACGGGGGTC	TGATGTGTGG	1960
	TGACTGTGGA	TGGCGGTTGG	TCACAGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2030
	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2100
	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGGT	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	2170
2.5	TGGTGACTGT	GGATGGCAGT	CGTGGGGTCT	GATGTGTGGT	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	2240
35	TGGTGACTGT	GGATGGCAGT	CGTGGGGTCT	GATGTGTGGT	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	2310
	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2380
	TGTGTGGTGA	CTGTGGATGG	CGGTCGTGGG	GTCTGATGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2450
	TGTGTGGTGA	CTGTGGATGG	TGATCGGTCA	CAGGGGTCTG	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	GCGGTCGTGG	2520
40	GGTCTGATGT	GTGGTGACTG	TGGATGGTGA	TCGGTCACAG	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	2590
40	GTCGTGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTTG	GTCCCGGGGG	TCTGATGTGT	GGTGACTGTG	2000
	GATGGCGATC	GGTCACAGGG	GTCTGATGTG	TGGTGACTGT	GGATGGCGGT	CGTGGGGTCT	CATGIGIGGI	2730
	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	CCTCCCCTCT	CATCTCTCCT	2070
	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	TGGTGACTGT	GGATGGCGGT	CGIGGGGICI	CCCCTCTCAT	2010
45	GACTGTGGAT	GGCGGTTGGT	CCCGGGGGTC TCGTGGGGTC	TGATGTGTGG	TGACTGTGGA	TOGCOGTCGT	CCCCTCTCAT	3010
45	GTGGTGACTG	TGGATGGCAG	GGTCGTGGGG	TGATGTGTGG	TGACTGTGGA	CATCCCCCCTC	CTCCCCTCTC	3080
	GTGTGGTGAC	TGTGGATGGC	GGTCGTGGGG	CONCRETE	CCTCACTCTC	CATCCCCCTC	GTGGGGTCTG	3150
	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	GCGGTCGTGG GTGATCGGTC	COTCTGATGI	CARCECTCE	CACTCTCCAT	GCCGCTCGTG	3220
	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	GTGATCGGTC	ACAGGGGTCT	CATGIGIGGI	CACTGIGGAI	CCCCCTCCTG	3290
50	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	CTCCTACCCT	CIGNIGIGGE	GEGACTGEG	ATGGCAGTCG	3360
50	GGGTCTGATG	TOTOGTGACT	GTGATGGCG	CATCCCCCTC	CTCCCCCCCCC	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	3430
	COCCECCECCE	CCTCTCTCTCT	GTGGTGACTG	TCCATCCCCC	TOTOGGICIG	TCATCTCTCC	TGACTGTGGA	3500
	0000100100	GGICIGAIGI	GTGGTGACTG	TCCATCCTCA	TOGIGGGIC	CCCTCTGATG	TGTGGTAGCT	3570
	100C0G1CG1	TOCOLOGIC	GTCTGTAGCT	ACTTTCCCTC	CTCGGCCCCC	CGGCCCCCGT	TTCCCAAACA	3640
55	CARCCTTCCC	ACCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC	TGGGCTTCAT	CCCCCCATCC	CCCTTCCCCC	CAGGTCCACA	CGTCCTGATC	3710
J J	CCAACCTICCC	AGGCGCTCTC	TCTGGCCGGG	CCACCCATCA	TTTCTCCCT	ATGCCCTCTC	CTCTGCCGGC	3780
	A COMPONENCE	CTTCACACAC	CTCCAGCCGT	ACATGCGACA	GTTCGTGGCT	CACCTGCAGG	AGACCAGCCC	3850
	CCTCACCCAT	COCCTCCTC	TCGAGCAGGT	CTGGGCACTG	CCCTGCAGGG	TTGGGCACGG	ACTCCCAGCA	3920
	CTCCCTCCTC	CCCTCCCCA	TCACTGGGCT	CATCACCGG	CAGACTGTTG	CCCCTGGGGG	GCAGTGGGGG	3990
60	CANTENCETC	TCATCGGGG	ATGATGAGCT	GTGTGCCTTG	GCGAAATCTG	AGCTGGGCCA	TGCCAGGCTG	4060
00	CCACACCTCC	TORIGOGGG	CACCTGCTCA	CGTTTGACTG	CCCCCCCTCT	CTCCAGTTCC	GCAGTGCCTT	4130
	TOTTCATCAT	TTCCTBBBTC	TCTTCTCTGC	CACTTTTCAT	CTTGAGGCCA	AAGGAAAGGT	GTCCCCCTCC	4200
	TTTAGGAGGG	CAGGCCATG	TTGAGCCGTG	TCCTGCCCAG	CTGGCCCCTC	AGTGCTGGGT	CTGAGGCCAA	4270
	ACCAAACCTC	**************************************	TAGGAGGACG	GGCCGTGTTI	r GAGCCACGCC	CCGCTGAGCG	GCCCTCTCAG	4340
65	TOCTOCOTOT	CTCCACGTGG	CCCTGTGGCC	CTTTGCAGAT	r GTGGTCTGTC	CACGTGGCCC	TGTGGCTCTT	4410
05	TGCAGATGCC	TOTTAGCACT	TGCTCGGCTC	TAGGGGACAC	TCGTGTCCAC	CGCATGAGGC	TCAGAGACCT	4480
	CTCCCCCAAT	* TTCCTTGGC	r cccagggtgg	: GGGTGGAGG1	r GGCCTGGGC1	GCTGGGACCC	AGACCCTGTG	4550
	CCCGGCAGCT	CCCCACCAAC	TCCTGGATCA	CATATGCCAT	r ccgggccaco	G GTGGGCTGTC	TGGGTGTGAG	4620
	CCCAGCTGGA	CCCACAGGT	GCCCAGAGGA	GACGTTCTG1	r GTCACACAC	CTGCCTAAGC	CCATGTGTGT	4690
70	CTCCAGAGAG	TOGGOOGG	- CAGCCCACGA	TGGCCCTGC	A TTCCAGCCC	A GCCCCGCACT	TCATCACAAA	4/60
, •	CACTGACCCC	ABBACCCAC	: CAGGGTCTTC	GCCACGTGG	r ccrcccrcrc	TCAGCACCC#	CCGGCTCACT	4830
	CCCATGTGTC	TOCCGTCTG	TTTCGCAGAC	CTCCTCCCT	G AATGAGGCC	A GCAGTGGCC1	CTICGACGIC	, 4900
	TTCCTACGCT	T TOATGTGCC	A CCACGCCGTC	CGCATCAGG	G GCAAGTGAG	r caggreece	GGTGCCATT	49/0
	CCCTGCGGG1	GCTGGGCG	GCTGGCAGG	CTTCTGCTC	A CCTCTCTCC	r GCCCCTTCCC	CACTGNCCT	0402
					· ·			

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

CTGCCCGGGG CCACCAGAGT CTCCTTTTCT GGCCCCCGCC CCCTCCGGCT CCTGGGCTGC AGGCTCCCGA 5110 ACGTCTTCAA AACCTGTTGC CCCAAAAACT AAGAACAGAG AGAGTTTCCC ATCCCATGTG CTCACAGGGG 6300
CGTATCTGCT TGCGTTGACT CGCTGGGCTG GCCGGACTCC TAGAGTTGGT CGGTGTGCTT CTGTGCAAAA 6370
AGTGCAGTCC TCTTGCCCAT CACTGTGATA TCTGCACCAG CAAGGAAAGC CTCTTTTCTT TTCTTTCTTT 6440
TTTTTTTTTT GAGACGGAAC GTCACTGTG TCTGCCTGGC CTTGAGTGCA GTGGCGCGAT CTCAACTCAC 6510
TGCAACCTCC GCCCTGGCC TACTTTGTA TTTTTAGTAG AGAGGGGTTT TGCCATGTT GGCCAGGCTG 6650
GTCTCGGACT CCTGACCTCA GGTGATCCAC CCACCTCGGC CTCCCAAAAT TGCCATGTT GGCCAGGCTG 6650
CCATCACGCC CAGCCGGAAA GCCTCTTTT AAGGTGACCA CCTATAGCGC TTCCCGAAAA TAACAGGTCT 6790
TGTTTTTGCA GTAGGCTGCA AGCGTCTCTT AGCAACAGGA GTGCCTCCT GTGGGCTCTG GGGATGGCTG 6860
AGGGTCGCGT GCCACCCTTG GCAACCTTGTT TTGGAGAGTT TCTCCACGGG GCTATTCTGC TCTCACTGTT 6930
TGTCTCAAAAA CGCACCCTTG GCATCCTTGT TTGGAGAGTT TCTGCATGTC GTGAACTAC CTGAAACTAG 7000 TGTCTGARAA CGCACCCTTG GCATCCTTGT TTGGAGAGTT TCTGCTTCTC GTTGGTCATG CTGAAACTAG 7000
GGGCAAGGTT GTATCCGTTG GCGCGCAGCG GCTACATGTA GGGTCATGAG TCTTTCACCG TGGACAAATT 7070
CCTTGAAAAA AAAAAAAGGA GTCCGGTTAA GCATTCATTC CGGGTCAAGT GTCTGGTTCT GTGAATAAAC 7140 CCTTGARARAR ARARARAGGA GTCCGGTTAR GCATTCATTC CGGGTCAAGT GTCTGGTTCT GTGARARAC 7140
TCTARGATTT AAGARACCTT AATGARAGAR AACCTTGATG ATTCAGAGCA AGGATGTGGT CACACCTGTG 7210
GCTGGATCTG TTTCAGCGCC CCCAGTGCAT GGTGAGAGTG GGGAGCAGGA AGGATGTGGT CAGAGGTCTC 7280
ATCTGGTATG TTTCTGAGGT GTTTGCAGGCA TGTCCAGCAC ATGCCCTGCC CGTCTCTCAC CTGTGTCTTC 7420
CCGCCCCAGG TCCTACGTCC AGTGCCAGGG GATCCCGCAG GGCCCCACC CTCTCCACC CTGTGCTTC 7420
CCGCCCCAGG TCCTACGTCC AGTGCCAGGG GATCCCGCAG GGCCCCATCC CTCCCACCT GCTCTCACG 7490
CCTGTGCTACG GCGACATGGA GAACAAGCTG TTTGGCGGGGA TCCGCGGGA CGGGGGAGCCC CCCTCTCCACC 7490
CCAGGGGGGC TTGGGTGGGG GTTGATTTGC TTTTGATGCA TCCGCCGGGA CGGGTGAGGC CTCCTTCTCACG 7490
ACCATGACTG CTCTGCTTG AGGAACCAGA CAAGGTTGCA GCCCCTCTTT GGTATGAAGC CGCACGGGA 7700
GGGTTGCACA GCCCTGAGGAC GAGCAGGC CACCAGGCT TGTCCAGCG CATTCCAG AGGCCCCAGG 7770
ACCTCAGCAGG CGGGAGGCC GCTGCCCTGC ATGATGAGCA TGTGAATTCA ACACCGAGGA AGCACACCA 7840
CTTCTGCCA GCCCCAAGGA CACGCGCCTC ATGATGAGCA TGTGAATTCA ACACCGAGGA AGCACACCA 7840
ATCTCCCCAG AGGCCCTCGA CACGTGGCCT GACTGGGCG CCTCTTCAGC CATTCCCAC 7980
ATCTCCCCAGG AGCCCTCCA CCCAACGA CCACACCC TAAAATACGT GCCACCACAC CAAGGTTCCAA TGCTGTCCAA TCCCACTTGC 7980
ATGTTATTATAC ACCCCAAGGA CGCACACCC TAAAATACGT GCCAACCAA TGTGGTTCAA CTCCACTTGC 7980
ATTTATTTGAC ACCCCAAGGA CGCACACCC CTAAATATGGT ACACCTAAA TGTGGTTCAA CTCACGTGGC 8050
ATTTATTTACA TATGTATACA TGTGCCATCT TGGTGTGCCAT TCCACTTCA CCACTTGCCA TCCACTTGC 7980
ATCTCCCAA TATGTATACA TGTGCCATCC CCCATCCCA GACAGCCCT GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCTAA TGTGTTCAA TCCACTTGC 8050
ACCTGTGTCCAA GTGTTCCAT TGTTCAGTTC CCACCTCCAT GACAGGCCCT GACAGGCCT GTTCCCACC 8260
CTTGTGCCAA TGTGTTCAT TGTTCAGTTC CCACCTCGCA GACAGCCCT GACAGGCCT GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGGCCC CCACCCACCACC GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGCCTA GACAGCCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCTA GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCT GACAGCCTA CTTGCCAATAG TITGCTCAGA GTGATGGTT CCAGCTTCGT CCATGTCCT ACAAAGGGACA TGAACTCATC 8400
CTTTTTATG ACTGCATAGT ATTCCGTGGT GTATATGTGC CACATTTCT TAATCCAGTC TATCATCGAT 8470
GGACATTTGG GTTGGTTGCA AGTCTTTGCT ACTGTGAATA GTGCCGCAAT AAACATACGT GTGCATGTG 8540 GGACATTIGG GTTGGTTGCA AGTCTTTGCT ACTGTGATA GTGCCGCAAT AAACATACGT GTGCATGTGT 8540
CTTATAGCA GCATGATTA TAATCCTTG GGTATATACC CAGTAATGGG ATGGCTGGGT CAAATGGTAT 8610
TTCTAGTTCT AGATCCTTGA GGAATCACCA CACTGTCTTC CACAATGGTT GAACTACTAT ACACTCCCAC 8680
CAACAGTGTA AAAGTGTTCT GGTGCTGGAG AGGATGTGGA CAGCAGGTTAT TTTTTTATGA AAATAGTATC 8750
ACTGGACAGA CAGACAGTTA GTGAAGGATG CGTCAGGGAG CCTGCAGGGC ACACAGCCAT TTCTCTCGAA 8820
GACTCCGGGT TTTTCCTGTG CATCTTTTGA AACTCTAGCT CCAATTATAG CATGTACAGT GGATCAAGGT 8890
TCTTCTTCAT TAAGGTTCAA GTTCTAGATT GAAATAAGTT TATGTAACAG CAAGACAGT GGATCAAGGT 8960
CACAACTTGC TCTGGGATTT GGAGGAAAGT GTCCTCGAGC CCGGCGCAA CTGGTCAGCC CTCTGGGACA 9030
GGATACCTCT GGCCCATGGT CATGGGGCGC TGGGCTGGG CCTGAGGGC ACCACAGTGCA CCATGCCCAG 910
CTTCCTGTGG ATAGGATCTG GGTCTCCGAC CATGCTGGAG ACCACAGTGCA CCATGCCCAG 910
ACGTGGCCCA GAGGGGGCGA GGTTCCCAGC CCCAGCTTC TACCGTCTT CAGTATTTT TCCCTAACAG 9240
TCTGAGAAGT GGGCCCCCG CTGATGGCCT TCGTCCTCT TCAGCTGCCA CAAGCTGGAG 9380 TCTGAGAAGT GGGGCCGCGC CTGATGGCCT TCGTTCGTCT TCAGCTGGCA CAGAATTGCA CAAGCTGATG 9310
GTAAACACTG AGTACTTATA ATGAATGAGG AATTGCTGTA GCAGTTAACT GTAGAGAGGC CGTCTGTTGG 9380
AAAGAAAATT AAGTTTTCA TTTAACCGCT TTGGAGAAGT TTACTTTATT TATGGCTGTG TAAATTGTTT 9450
GACATTCAGT CCCTCGTAGA CAGATACTAC GTAAAAAGTG TAAAGTTAAC CTTGCTGTG ATTTTCCCTT 9520
ATTTTAGGCT GCCTCTGCGT TTGGTGGATG ATTTCTTTT GGTGACACCC CACCTCACCC ACCGAAAAC 9590
CCCCCGTGTCC TGGCCCCTGGC ACCGCACGCT TGTCTCTCCC AGCTCTCC TCTCTGCCGG TGCTGGATCC 9730
GCAAGAGCAG AGGCGCTTGG CCGTGCACCC AGCCTGGGGG CGCCAGGGG ACCTTCGGGA GGGAGTGGGT 9800
ACCGTGCAGG CCCTGGTCCT GCAGAGAGGC ACCCAGGCTT ACACCTGCGT GAGTGCACCTG 9870
CTCCTCCTGCT TCTTTGGAAA GTCAAGAGTG GCGCCTCCTG GGGCCCCCAG GAGACCCCCA GGACCTGG 9870 ACCEGGEAGG CCCTGGTCCT GCAGAGACGC ACCCAGGTTA CACACGTGGT GAGTGCAGG GGTGACCTGG 9870
CTCCTGCTGC TCTTTGGAAA GTCAAGAGTG GCGGCTCCTG GGGCCCCAGT GAGACCCCCA GGAGCCCCCA GGAGCCCCCA
ACAGGGCCTG CAGGGCCAGA GCGGCAGCCT CCTCCCCAGG GTGCACCTGA ACCCAGGAGACCT 10010
CCTGAGTGAG CTGGCCCACA GCGTTCGCT CGGCCACGTA ACCGGAGA ACCAGGAGCT 10010
CAAATTTGGAT TTGCTGAGTG CTGCTTGCTT GAAACCACGGA GATGGCTAGG ACTGGTTCCA ACGTGAATA
CAGGCACAGG GGACTGGCC TCAGCACAGG GGATTGTCCA ACGTGGTCC 10220
CCTCAAGGGC GCCCCACAGA GCCGGTGGGC TTGTTTAAA GTGCGATTG ACGAGGACC AGAAACCTT 10290
AAAGCTGTAA AGGGAACCCT CAGAAAATGT GGCCGCCAGG GGTGGTTCA GGTGCTTTGC TGGGCTGTCT 10360
TTGTGGAAAAC CCATTTGGAC CCGCCCTCCA AGTCCACCCT CCAGGTCCAC CCTCCAGGGC CGCCCTGGGC 10430

TGGGGGTATG CCTGGCGTTC CTTGTGCCGC AGCCCGGAGC ACAGCAGGCT GTGCACATTT AAATCCACTA 10500 AGATTCACTC GGGGGGAGCC CAGGTCCCAA GCAACTGAGG GCTCAGGAGT CCTGAGGCTG CTGAGGGGAC 10570 AGAGCAGACG GGGAACGCTG CTTCTGTGTG GCAAGTTCCT GAGGGTGCTG GCCAGGGAGG TGGCTCAGAG 10640 TGTATGTTGG GGTCCCACCG GGGGCAGAAC TCTGTCTCTG ATGAGTCGCC AGCCATGTAA CAGGAAGGGG 10710
TGGCCACAGG GAGCTGGGAA TGCACCAGGG GAGCTGCGCA GCTGGCCGAG GTCCCAGGGC CAGGCCACAG 10780
GAAGGGCAGG GGGACGCCCG GGGCCACAGC AGAGGCCGCA GGAAGGGAAG GGGATGCCCA GGCCAGAGCA 10850 5 GAGGCTACCG GGCACAGGGG GGCTCCCTGA GCTGGGTGAG CGAGGCTCAT GACTCGGCGA GGGAACCTCC 10920
TTGACGTGAA GCTGACGACT GGTGTTGCCC AGCTCACAGC CCAGCCAGGT CCCGCGCCTG AGCAGGAACT 10990
CAGAACCCTC CCCTTTGTCT AAAGCACAGC AGATGCCTTC AGGGCATCTA GGAGAAAACA GGCAAAGTCG 11060 TTGAGAAACG TCTTAAAAGGA AGGTGGGATG GTGGCAATTT CTTGTCCAGA TTTTAGTCTG CCCCGGACCA 11130
CAGATGAGTC TATAACGGGA TTGTGGTGTT GCCATGGGGA CACATGAGAT GGACCATCAC AGAGGCCACT 11200
GGGGCTGCAC CTCCCATCTG AGTCCTGGCT GTCCCGGGTC CAGGCCAGGT TCTTGCATGC TCACCTACCT 11270 10 GTCCTGCCCG GGAGACAGGG AAAGCACCCC GAAGTCTGGA GCAGGGCTGG GTCCAGGCTC CTCAGAGCTC 11340 CTGCCAGGCC CAGCACCCTG CTCCAAATCA CCACTTCTCT GGGGTTTTCC AAAGCATTTA ACAAGGGTGT 11410 CAGGTTACCT CCTGGGTGAC GGCCCCGCAT CCTGGGGCTG ACATTGCCCC TCTGCCTTAG GACCCTGGTC 11480 15 CGAGGTGCC CTGAGTAGG CTCCCCGGT ACTTCCGGA AGACGGCA CAGCCTGCT GAACTTCCCT GTAGAAGACG 11550
AGGCCCTGGG TGGCACGGCT TTTGTTCAGA TGCCGGCCCA CGGCCTATTC CCCTGGTGCG GCCTGCTGCT 11620
GGATACCCGG ACCCTGGAGG TGCAGAGCGA CTACTCCAGG TGAGCGCACC TGGCCGGAAG GGAGCCTGT 11620
GCCCGGCTGG GGCAGGTGCT GCTGCAGGGC CGTTGCGTCC ACCTCTGCTC CCGTGTGGGG CAGGCGACTG 11760
CCAATCCCAA AGGGTCAGAG GCCACAGGGT GCCCCTCTGCT CCATTCTGGGG TGAGCAGAA ATGGTGCACC 11800
CTGTGGGAGT GAGGGTGCTC ACACCGGAG CAGTTTTCTG TGCTATTTTTG GTAAAAGGAA ATGGTGCACC 11900 20 AGACCTGGGT GCACTGAGGT GTCTTCAGAA AGCAGTCTG IGCTATTTG GTAAAAGAA AGCAGCCG GGCCCTGCTG 11970
GGCGTGAGTC TCTCAAACCC GAACACAGGG GCCCTGCTG GCATGAGTCC CTCTGAACCC GAGACCCTGG 12040
GGCCCTGCTG GGGGTGAGTC TCTCCGAACC CAGAGACTTC AGGGCCCTTT TGGGCGTGAG TCTCTCCGCT 12110
GTGAGCCCCA CACTCCAAGG CTCATCCAC GTCTACAGGA TGCCATGAGT TCATGATCAC GTGTGACCCA 12180
TCAGGGGGACA GGCCATGGT GTGGGGGGG TCTCTACAAA ATTCTGGGT CTTGTTTCC CAGAGCCCGA 12250
GAGCTCAAGG CCCCGTCTCA GGCTCAGACA CAAATGAATT GAAGATGGAC ACAGATGAG AAATCTGTGC 12320 25 30 AACCATAGTG GACAGGTGTT TTTTATTCT GTCCTTCGAT AATATTTACT GGTGCTGTC TAGAGGCCGG 12740
AACTGGGGGGT GCCTTCCTCT GAAAGGCACA CCTTCATGGG AAGAGGAAATA AGTGGTGAT GGTTGTTAAAA 12810
CCAGAGGGTTT AAACTGGGGT CCTGTGGTTC TGAGTTAACA GTCCAGATCT GGACTTTGCC TCTTTCCACA 12880
ATGCTCCCTG GGGTTTGCTT CATGGGGGAG CAGCAGGTGT GGACACCCTC GTGATGGGGG AGCAGCAGGT 12950
GCAGACGCCC TCATGATGGG GGAGTGGCAG GTGCAGACAC CCTTGTGCAT GGTGCCCAG ATGTCCCTGT 13020
TCCAGCTCCC TCCCCACAAG GATGCCGGT CTCGTGCTC CCCACAGTCC CTGCTTCCCT CTCACAGCCT 13090
TACCTGGTCC TGGCCTCCAC TGGCTTTGTC TGCATGATTT CCACATTTCC TGGGCTCCCA GCACCTCTT 13160
GCCTCTCCCA GGCACCTCT CAGTGCTGGC CATACCAGTC AGCTCTTGAAC TGTCCACTGC TTATTTTGCT 13230
CCCCATGAAA TGTATTTTTT AGGACAGGCA CCCCTGGTTC CAGCCCTCTGG CACAGCACCA AGCCCACAGA 13370 35 40 TTGAAGGACA AAGGACAGAC AAACAAATCA GGAAAATGGG TTCTCTCTAA ACACATTGCA AAGCCACAGA 13370 GGCTAGTGCA GGATGGGTGG GCATCAGGTC ATCAGATGTG GGTCCAATGC CAGAATATTC TGTGCTCCCA 13440 AAGGCCACTT GGTCAGAGTG TGTGCTTGCA GAGGTGGCTC TAAAAGCTCA GCAGTGGAGG CAGTGGTTCG 13510 45 CCATACTCAG GGTGAACTCA CATCCTCTGT GTCTGAAGTA TACAGCAGAG GCTTGAAGGG CATCTGGGAG 13580 AAGAAAACAG GCAAAATGAT TAAGAAAAGT GAAAAAGGAA AAGTGGTAAG ATGGGAATTT TCTTGTCCAG 13650 ATTITAGTET CCCAAACCAC AGCTCAGATG GTAGAATGTG GTCAGAACTG ATGGACAGAA CAATAGAACA 13720 AAACGGAAGC CCTATCTCT AGAAACGTGT GTTAATGTGG TATGTGGCAC AGCTGATGGA AAAGAGAGTG 13790
TGTGTGTGAAT TTTTTTTTCT GAGAAAACTG ACTGGAAGCA AATAAGTTGT GTCTTTACAG CATATACCAG 13860
AGCAGATTCT AGGTAGAAGA GGAGACACAT GCAAACAACA CCAGCAACAG AAATAAAACA AAAGACTCAA 13930 50 AGGGAAGGGA GGTGAACGTT CCCTGGTTTG GTGTTGGGGA AGGACACACA GGGAGGCGGA TGAAACCAGT 14000
GAGGCAACGG GCATTGCTTT CACTGCAGAG AAACTCAGCT TGCCTGAGCC ACAGTGAAAA TGGCCATTCC 14070
CTGGAGGGTT TGTGCACGTG ATTTATTTAA GGCGCCCTGT GAGGTCCTGC ACATTCATCC TCTCACTTTG 14140 TICTCCTARC CACCTGAGAG GTAGAGGAGG ARAGGCTCCA GGGCAGCAGC CGCCCTTGGT CACCCAGCTG 14210
GCARAGGGCA TGCATGATTG CAGCCTGGCC TCCTGCTCCG GGGCCCTTGC TCTGCCCGAG GACCCCACAC 14280
AAGTCAGACC CATAGGCTCA GGGTAGACCG GACCCCAAGG TCGTGTTGGG GATGGCTGTG ARAGARARAA 14350
TGGACGTCTT ATGCACACATT GGGAAGGTCC TACCAGCAGC GTCARAGARA TGCATGTGAA ACTGACAGCG 14420
AGACCCATCC CTCARAGARA GGCACGTGAA ACTGATGGCG AGACCTGTCC CCATCCCTCA TGCTGGCTCC 14490 55 TTTTCTGGGC TTGCCAAGAG CCAGCATCAG GTTGAGGCAA GCTGGAAAGA CTTTTCTGGA AAGCAGCTTG 14560
TTTGCATGGA AGTCCTCACA ATGTCCTGTG TCTTCCCAGT AATTCCACTT CTGAAGTGAC CAGACATTAT 14630
CACGGGTCTT ATTTACCATT TCCAGTGTTC CAGGCAGGGG GACTTGCCAC AGCAAGTCAC GAACCTGCCC 14700 60 AAATACAGGG CTAAGGAGAT ATTATGCATC ACAAAACTTG CTCTGCCATT AAACATTTT CAAAGAATTT 14770
TTCAAGGAATG TTTAATGGCA CAAAACGTTT ATTCAATGT AGCAGTGTTC AAAGCTGGAT GTAAAAGAAC 14840
ACACCCCAGG AGCCTGCCGT GAATGTCATG TGTGTTCATC TTTGGACATG GACATACATG GGCAGTGAGT 14910 ACACCCCAGG AGCCTGCCGT GANTGTCATG TOTGTTCATC TITGGACATG GACATACATG GGCAGTGAGI 14910
GGTGGTGAGG CCCTGGAGGA CATCGGTGGG ATGCCTCCAT CCTGCCCCCT GGAGACACC ATGTGTGCCA 14980
CGTGCACTCA CTGGAGCCCT GTTTACCTGG TGCCACCTGG CTCTTCCATC CCTGAGATTC AAACACACTG 15050
AGATTCCCCA CGCCCAACTC AGTGTTCTCC CACAAAAAAC CTGAGTCACA CCTGTGTTCA CTCGAGGGAC 15120
GCCGGGAGC CAGGGCTCCA CAGTTTATT TGTGTTTTTG GCTGAGTTA GTGCAGATCT CATCAGGGCA 15190
GATGATGAGT GCACAAACAC GGCCGTGCGA GGTTTGGATA CACTCAACAT CACTAGCCAG GTCCTGGTGG 15260
AGTTTGGTCA TGCAGACTCT GGATGCCATG TAGCATTTTGA AGTCCATGGA GTGAGCACC AGCCCCCTCG 15330
GGCTGCAGGG CATGCCCCAG GCAGGACAAG GAAGCGGGA GAAGCAGGA GGCTCTTTGG AGCAAGCTTT 15400
GCAGGAGGGG GCTGGGTGTG GGGCAGGAC CTGTGTCTGA CATTCCCCCC TGTGTCTCAA CATTCCCCCG 15470 65 70 ACCTCCATCA GAGCCAGTCT CACCTTCAAC CGCGGCTTCA AGGCTGGGAG GAACATGCGT CGCAAACTCT 15540 TTGGGGTCTT GCGGCTGAAG TGTCACAGCC TGTTTCTGGA TTTGCAGGTG AGCAGGCTGA TGGTCAGCAC 15610 AGACTTCAGA GTTCAGGAG TOTGTGGGCA AGTATGTGTG TGTGTGTGTG GGGGGGTGCC TGCAAGGCTG 15680 ATGGTGACTG GCTGCACGTA AGAGTGCACA TGTACGCATA TACACGTGAG CACATACATG TGTGCATGTG 15750 75 TGTACATGAA GGCATGGCAG TGTGTGCACA GGTGTGCAAG GGCACAAGTG TGTGCACATG CGAATGCACA 15820

CCTGACATGC ATGTGTGTC GTGCACAGTC GTGTGGGCAT TCACGTGAGG TGCATGGTG TGGGTGTGCA 15890
GTGTGAGTAG CATGTGTGCA CATACAGTA ATTGAGGGGT CCTCGTGTTC ACCCCGCTAG GTCCTCACAGG ATGACAGGA ATTGACGGGT CTGGTGGTC ACCCCGCTAG AGGTGCAGCC 16030
CTGAGGGCAT TGTCCCATCT GGGCATCCC GTCCACTCCC TCTCCTGTGG GCTTCTGTGT CCACTCCCC 16100
TCTCCTGTGG GCATTACAGT CCACTCCACT CCCCTCTCTC TGTGGGCATC CCCCCTCTCT 16170
CTGGGCATCT GCGTCCACCT CCCCTCTCTG TGGGCATTG CGTCCACTCC CTCTCCTGGT TCCTCTCTT 16240
CTTGGCCGAG CCTCGGGGGC AGGCAGATGA CACAGAGTCT TGACTCGCCC AGGGTGTTC GCACTCCC 16310
CATCTGAATG GATGATAAAG CAAAAAGTAA AAACTTAAAA TCCCAGAGAG GTTTCTCACTC 16450
TTTCTTGGCC ACTCTAGGTG AACAGCGCC AGGCGGTGT CACCAGAATC TACAAGATCC TCCTCTCTC 16520
GCGTACAGG TGAGCCCCA CCAAGGGGT CAGGCCCAGC CTCCAGGGAC CCTCCGGGCT CTCCTCTCC 16500
CTGACCCGGG GCTTCACCTT GGAACTCCTG GGATTTTAGGG GCAAGGAATG TCTTACGTTT TCAGTGTTC 16590
CTGACCCGGG GCTTCACCTT GGAACTCCTG GGATCTCGAA TCCCAGAGAT TCTCACGTTT TCAGTGGTC 16650 CCTGACATGC ATGTGTGTTC GTGCACAGTC GTGTGGGCAT TCACGTGAGG TGCATGCGTG TGGGTGTGCA 15890 CTGACCCGGG GCTTCACCTT GGAACTCCTG GGATTTTAGGG GCAAGGAATG TCTTACGTTT TCAGTGGTGC 16560
TGCTGCCCTGT GCACAGTTCT GTTCGCGTGG CTCTGTGCAA AGCACCTGTT CTCCATTCTT GGGTAGTGGT 16730
AGGAGCCGGT GTGGCCCCCAG GTGTCCCCCAC TCTGCCTGTG CACTGGCCGT GGGACGTCAT GGAGGCCATC 16800
CCAGGGCAGC AGGGCATGG GGTAAAGAGA TGTTTATGGG GAGTCTTAGC AGAGGAGGCT GGGAAGGTTC 16870
CTGAACAGTA GATGGGAGAT CAGATTCCCC GAGGATTGTG GGTCTCAGCA AAGAGGGCCA AGGTGGGTGC 16940
AGGTGAGGGT CGCTGGCCCC ACCCCCGGGA AGGTGCAGCA GAGCTGTGGC TCCCCACACA GCCCGGCCAG 17010
CACCTGTGCT CTGGGCATGG CTGTGCTCCT GGAACGTTC CTGTCCTGGC TGGTCAGGG GTGCCCCTC 17080
CAAGAATCGA CAACTTTATC ACAGAGGGAA GGCCAATCT GTGGAGGGCCA CAGGGCCAGC TTCTCCCTGG 17150 CAAGAATCGA CAACTTTATC ACAGAGGGAA GGGCCAATCT GTGGAGGCCA CAGGGCCAGC TTCTGCCTGG 17150
AGTCAGGGCA GGTGGTGGCA CAAGCCTCGG GGGCTGTACCA AAGGGCAGTC GGGACCACA GGCCCGGGCC 17220
GCTGAGAAGG AGTGTGAGCA TTTGTGTTAC CCAGGGGCCG ACCCAGCG GAAAGCCCTCG CCCCATGAGG 17290
GCTGAGAAGG AGTGTGAGCA TTTGTGTTAC CCAGGGGCCG ACCCACACG GGCCAGCGCGGCA
TACCATGAAA ATGGTTTTTA ACCCGAGTGC TTGGCCCTTC ATGCTCTGGC AGGGAGGGCA GAGCCACACG 17500
TGCATGTAC CGCCTTGCA CCAGCTCCAG AGGCTGGGA CCAGCGGGCA GAGCCACACG 17500
GCTCAGACCG CCCTCCTCT TGCCTTCAT ATGCTCTGGC TCAGTGCAC TCAGTGCACC 17500
GCTCAGACCG CCTCCTCT TGCCTTCT CTCTGCCTCA AATCTTCCCT CGTTTGCATC TCCCTGACGC 17510
CACTGAGGAC TGGAGGTGT TGACACTGG GTTGACCCCA GAGCCCTCT GGCGTCCTC TCCCTGACGC 17510
CACTGAGGAC TGGAGGTGT TGACACTGG GTTCACCCCA GAGCCTCTC GGCGCCCCC ATGTGACC 17510
CACTGAGGAC TGGAGGTGT TGACACTGT GTTCACCCCCA GGGTCCAGC AACCCTCT T7710
GCCCCCTAGA GAGGCCAGAG GAGTTTCCC AGGTGAAAAC TCCCGAGGC CATGTGACCT 17710
GCCCCCTAGA GAGGCCCAGA GAGCCCAGA GAGCCACGC CATGTGACCT 17710
GCCCCCTAGA GAGGCCCAGA GAGCCCAGA GGCCCACGC CATGTGACC 17920
GCCCCCTAGA GAGGCCCAGA GACCCCAGC GGGCCCAGG CCCTTCCAACC CATGTGACC 17920
GCCCCCTTAGA AGGGCCCAGA CTCCAGAGACC CCCCAGGCC CATGTGACC 17920
GCCCCCTTGA AGGGCCCAGA AACCCCCCC CCCCAGAGCA CACCGGGC CATTCCAA AACCAGAGACC 17920
GCCCCCTGAGA AACCCCCCC CCCCAGAGACC CCCCGAGAGCC CAGGGGAACC TGGCCCCGA AACCCCCGA AACCCCCCC CCCCAGGCA GAGGCCCAGGC CAGGGGCCCGAACCTGCA AACCAGAGCC 18040
ATTCACCGCA GAGGCCCAGA AACCCCCTC CCCCAGGGCA GCAGGGGGAACC TCCAGGGCC GGCCCCGA 18130
TTTCACCGCA GAGGCCCAGA AACCCCCTC CCCCAGGCA CCCAGGGCC GCGCCCGA GGCCCCGA 18130
TTTCACCGCCA GCCAGGCCCA AACCCCCCC CCCCAGGCA CCCAGGGCC GCGCTCTGATT 18200 TGGGTCAGGA GCGTGGCCGT GTGGCAACC CGGGACCTTA GGCTTATTTA TTTGTTTAAA AACATTCTGG 18410
GCCTGGCTTC CGTTGTTGCT AAATGGGGAA AAGACATCCC ACCTCAGCAG AGTTACTGAG AGGCTGAAAC 18480
CGGGGGTGCTG GCTTGACTGG TGTGATCTA GGTCATTCCA GAACTGGCTC AGGAAGCTAG AGGCAGAGT 18550
TACATGGGGG CTCAGGCAG TGGGTGAGTA GAGGTACACG GGGGCTCAGC AGAGGGTCAG AGGCCAGGT 18620
CATGGGGGGC TCAGGCACTG GGTGAGATGA GGTACACGGG GGGCTCAGC AGAGGGTCAG ACCAGGTACA 18690
CGGGGGCTCT GATCACACGC ACATATGAGC ACATGTGCAC ATGTGCTGTT TCATGGTAGC CAGGTCTGTG 18760
CACACCTGCC CCAAAGTCCC AGGAACTGA GAGGCCAAAG ATGGAGGCTG ACAGGGCTGG CGCGGTGGCT 18830
CACACCTGTA GTCCCAGCAC TTTGGGAGGC CAGGGCGAAG AGGACCTGA ACCAGGACTTA AGGACCAAC TTTAGACCA 18900
GCCTGAGCAA CATAGTAGAA CCCCATCTCT ATGAAAAATA AAAACAAAAAA TTAGCTGAAC ATGGTGGTG 18970
GCGCCTTAG TCCCAATACT TGGGAGGCTG AAGTGGGAGG CCCAGGAGT GGAAGCTGCA 19040
GTGAGCTGAG ATTGCACCAC TGTACTGCAG CCTGGGTGA AGAGGAAGCTAA CAACAACAAA 19110
CAAGACTGAC AAATGCACTT TCTTGGAAAG AAACATTTAG TAGGAACTTAA ACCATCACA AGAACCAAA 19180
TCGGTGTCTC GGTGTCAGTG AGATGAGAAG AAGACATTAA TAGGCGAAC CAACAACAAA 19110

TGCCCGGCCA CCCACACGTC CTAGGAGGGT TGGAGGATGC CACCTCTGGC CTCTTCTGGA ACGGAGTCTG 21280 ATTTTGGCCC CGCAGCCCAG ACGCAGCTGA GTCGGAAGCT CCCGGGGACG ACGCTGACTG CCCTGGAGGC 21350 CCACAGCCAG 21420 CGCAGCCAAC CCGGCACTGC CCTCAGACTT CAAGACCATC CTGGACTGAT GGCCACCCGC GCCGAGAGCA GACACCAGCA GCCCTGTCAC GCCGGGCTCT ACGTCCCAGG GAGGGAGGGG 5 CCAGGCCCGC ACCGCTGGGA GTCTGAGGCC TGAGTGAGTG TTTGGCCGAG GCTGAGTGTC CGGCTGAGGC CTGAGCGAGT GTCCAGCCAA GGGCTGAGTG TGAGTGAGTG TTTGGCCGAG GCCTGCATGT CCGGCTGAAG 21560 CTGCCGTCTT 21630 TCCAGCACAC CACTTCCCCA CAGGCTGGCG CTCGGCTCCA CCCCAGGGCC AGCTTTTCCT CACCAGGAGC CCGGCTTCCA 21700 10 GTGTGCCCTG TACACAGGCG AGGACCCTGC ACCTGGATGG GGGTCCCTGT GGGTCAAATT GCTGTGGGAG TAAAATACTG AATATATGAG TTTTTCAGTT TTGAAAAAAA TCTCATGTTT GAATCCTAAT 21980 GTGCACTGCA TAGACACCAC TGTATGCAAT TACAGAAGCC TGTGAGTGAA CGGGGTGGTG GTCAGTGCGG 22050 GCCCATGGCC TGGCTGTGCA TTTACGGAAG TCTATGAGTG AATGGGGTTG TGGTCAGTGC CCTGGCTGGG CCTGGGAGGT TTCTGATGCT GTGAGGCAGG AGGGGAAGGA GGGTAGGGGA TAGACAGTGG 22190 15 GGGGCCCAGC 22260 GAGCCCCCAC CCTGGAAGAC ATAACAGTAA GTCCAGGCCC GAAGGGCAGC AGGGATGCTG TTGGGCGGCG GGGATGATGG AGGGCCTGGC CAGGGTGGCA GGGATGATGG GGGCCCCAGC TGGGGTGGCA 22330 GGGGTGATGG GGGGGGCTGG TCTGGGTGGC GGGGAAGATG GGGAAGCCTG GCTGGGCCCC CTCCTCCCCT 22400 CCTCCCACC TGCAGCCGTG GATCCGGATG TGCTTCCCTG GTGCACATCC TCTGGGCCAT CAGCTTTCAT 22470 GGAGGTGGGG GGCAGGGGCA TGACACCATC CTGTATAAAA TCCAGGATTC CTCCTCCTGA ACGCCCCAAC 22540 20 TCAGGTTGAA AGTCACATTC CGCCTCTGGC CATTCTCTTA AGAGTAGACC AGGATTCTGA TCTCTGAAGG 22610 TGCTCTCTCA 22680 GTGGGTAGGG TGGGGCAGTG GAGGGTGTGG ACACAGGAGG CTTCAGGGTG GGGCTGGTGA TCTCATCTGT TCCTCTTATC ATCTCCCAGT CTCATCTCTC ATCCTCTTAT CATCTCCCAG TCTCCCAGTC TCATCTGTCA TCCTCTTACC ATCTCCCAGT CTCATCTCTT ATCCTCTTAT CTCCTAGTCT 22820
CATCCAGACT TACCTCCCAG GGCGGGTGCC AGGCTCGCAG TGGAGCTGGA CATACGTCCT TCCTCAGGCA 22890 25 GTGAAGAAAC 22960 GAAGGAACTG GAAGGATTGC AGAGAACAGG AGGGGCGGCT CAGAGGGACG AGCCCCTCCT CAGAAGTTGG CTTGGGCCAC ACGAAACCGA GGGCCCTGCG TGAGTGGCTC CAGAGCCTTC CAGCAGGTCC CTGGTGGGCC CTTATGGTAT GGCCGGGTCC TACTGAGTGC ACCTTGGACA GGGCTTCTGG 23030 CTGGATATGG CGTCATTTAT 23170 TTTGAGTGCA GCCCGGACGT GCCTGGTGTC GGGGTGGGG CTTATGGCCA TCAGAGAATG TCTGAGTGAC CGAGCCTAAT GTGTATGGTG GGCCCAAGTC CACAGACTGT 23240 TGCTGCTGCT 30 GTCGTAAATG CACTCTGGTG CCTGGAGCCC CCGTATAGGA GCTGTGAGGA AGGAGGGGCT GAAGGGAGCG GCCCCGGGCG CCGTGGGCGG ACGACCTCAA 23380 GGCCTGGGGG CGCCTTTGCC CTGCAAACTG 23450 GTGAGAGGTT GGACAGAACA GGGCGGGGAC TTCCCAGGAG CAGAGGCCGC TGCTCAGGCA CACCTGGGTT
TGAATCACAG ACCAACAGGT CAGGCCATTG TTCAGCTATC CATCTTCTAC AAAGCTCCAG ATTCCTGTTT CTCCGGGTGT ATATTTTTG CTAAAGTATT AGACCCTTAA 23590 TTTTTGTTGA AATTTTACTC **AGGATTACTT** 35 AAAAGGTATT TGCTTTGATA TGGCTTAACT CACTAAGCAC CTACTTTATT TGTCTGTTTT TATTTATTAT 23660 TGTCACCCAG GTTGTTAGTG CAGTGGCACA TATTATTATT ATTAGAGATG GTGTCTACTC CTCAGCTTCC CAGAGTGCTG GGATTACAGG 23800 GCTGTAGCCG CAAACCCCCA GGCTCAAGTG ATCCTCCGGC TGTGAGCCAC TGCCCTTGCC TGGCACTTTT AAAAACCACT ATGTAAGGTC AGGTCCAGTG GCTTCCACAC 23870 CTGTCATCCC AGTAGTTTGG GAAGCCGAGG CAGAAGGATT GTCTGAGGCC AGGAGTTTGA GACCAGCATG 23940 40 GGTAACATAG GGAGACCCCA TCTCTACAAA AAATGCAAAA AGTTATCCGG GCGTGGGGTC CAGCATCTGT 24010 CTGAGTGGGA GGATCGCTTG AGCCCGGGAG GTCATGGCTG CAGTGAGCTG 24080 AGTCCCAGCT GCTCGGGAGG TGATTGTACC ATCGCACTCC AAGAAGGAAG AAGAAAGAG AAGAAGGAAG AAAGAAGGAG AAGGAGAAGG AGAAGAGAAG 24220 AAGGAGGCCT GCTAGGTGCT AGGTAGACTG TCAAATCTCA GAGCAAAATG AAAATAACAA AGTTTTAAAG 45 GGAAAGAAAA ACCCCAGCTC CTTAGGCCTG AACTTCATCT CAAGCAGCTT CCTTCCACAG 24360 TTTGGACTTC ACAAGCGTGT ATGGAGCGAG TGAGTTCAAA GCAGAAAGGG AGGAGAAGCA GGCAAGGGTG GAGGCTGTGG 24430 GTGACACCAG CCAGGACCCC TGAAAGGAG TGGTTGTTTT CCTGCCTCAG CCCCACGCTC CTGCCGGTCC CAGGTGCCCA CCTGGGAAGG ATGCTGTGCA GGGGGCTTGC 24570 TGCACCTGCT GTAACCGTCG ATGTTGGTGC CAAACTTTGG TGGGTTTCAG AAGCCCCAGG CACTTGTGGC AGGCACAATT ACAGCCCCTC CCCAAAGATG 24640
CCCACGTCCT TCTCCTGGAA CCTGTGAATG TGTCACCCGC AAGGCAGAGG CTGGTGAAGG CTGCAGGTGG 24710
AATCACCGCT GCCAGTCAGC CGATCTTAAG GTCATCCTGG ATTATCTGGT GGGCCTGATA TGGCCACAAG 24780 50 GGTCCCTAGA AGTGAGAGAG GGAGGCAGGG GAGAGTCAGA GAGGGGACGT GAGAAGGACC ACTGGCCACT 24850 GCTGGCTTTG AGATGGAGGA GGGGGTCCCC AGCCAAGGAA TGGGGGCAGC CGCTCCATGC TGGAAAAGCA AGCAATCCTC CCCGGTCCTG AGGGCACACG GCCCTGCCCA CGCCTCGATT TCAGGCCAGT GGGACCTGTT 24990 55 GGCCTCCAGA GCTGTAAGAT GATGCGTTTG TGTTCAGCCA CTAAGCTGCA GTGATTCGTC 25060 ACAGCAGCAA ATGGAATAGC AGTACAGGGA AATGAATACA GGGACAGTTC TCAGAGTGAC TCTCAGCCCA CCCCTGGG

60 Beispiel 5

65

Der Vergleich der oben beschriebenen genomischen hTC-Sequenz mit der Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 6; entsprechend SEQ ID NO 2) ermöglichte die Aufklärung der Exon-Intron-Struktur des hTC-Gens. Die genomische Organisation des hTC-Gens ist in Fig. 7 schematisch dargestellt. Die kodierende Region des hTC-Gens setzt sich aus

15

:

16 Exons zusammen, die in ihrer Größe zwischen 62 bp und 1354 bp variieren (s. Tabelle 1). Exon 1 enthält das Translationsstartcodon ATG. Das Translationsstopcodon TGA sowie der 3' untranslatierte Bereich liegen auf Exon 16 (Fig. 8). Ein mögliches Polyadenylierungssignal (AATAAA) wurde weder in Exon 16 noch in den 3195 bp der folgenden 3'-flankierenden Region gefunden. Basierend auf der Konsensussequenz

		5'-Exon			Intron				3'-Ex				on	
	Prä-mRNA	A/C	A	G	G	T	A/G	A	ท	С	A	G	G	
10	Häufigk.(%)	70	60	80	100	100	95	70		80	100	100	60	

wurden die Exon-Intron-Übergänge bestimmt und in Tabelle 1 aufgeführt. Mit Ausnahme der 5'-Splice-Stelle zwischen Exon 15 und Intron 15 stimmen alle Exon-Intron-Übergänge mit der publizierten (Shapiro und Senapathy, 1987) Splice-Konsensussequenz überein. Die Größe der Introns liegt zwischen 104 bp und 8616 bp. Da Intron 6 nur zum Teil isoliert wurde, kann die exakte Länge des hTC-Gens nicht bestimmt werden. Basierend auf der von Intron 6 erhaltenen Teilsequenz von ~4660 bp beträgt die minimale Größe des hTERT Gens 37 kb.

Die Introns 1-5 sowie der 5'-Bereich des Introns 6 sind in Contig 1 enthalten: Intron 1: bp 11493-11596 (SEQ ID NO 4);

Intron 2: bp 12951-21566 (SEQ ID NO 5);

Intron 3: bp 21763-23851 (SEQ ID NO 6);

maion 5. op 21705 25051 (62Q 12100 0),

5 Intron 4: bp 24033-24719 (SEQ ID NO 7);

Intron 5: bp 24900-25393 (SEQ ID NO 8);

5'-Bereich von Intron 6: bp 25550-26414 (SEQ ID NO 9).

Der 3'-Bereich des Introns 6 sowie die Introns 7-15 sind in Contig 2 an folgenden

10 Positionen lokalisiert:

3'-Bereich von Intron 6: bp 1-3782 (SEQ ID NO 10);

Intron 7: bp 3879-4858 (SEQ ID NO 11);

Intron 8: bp 4945-7429 (SEQ ID NO 12);

Intron 9: bp 7544-9527 (SEQ ID NO 13);

15 Intron 10: bp 9600-11470 (SEQ ID NO 14);

Intron 11: bp 11660-15460 (SEQ ID NO 15;

Intron 12: bp 15588-16467 (SEQ ID NO 16);

Intron 13: bp 16530-19715 (SEQ ID NO 17);

Intron 14: 19841-20621 (SEQ ID NO 18);

20 Intron 15: 20760-21295 (SEQ ID NO 19).

Der 3'-nichttranskribierte Bereich befindet sich ebenfalls im Contig 2 an Position 21960-25138 (SEQ ID NO 20).

Die genannten Introns haben im einzelnen folgende Sequenzen:

Intron 1 (SEQ ID NO 4)

GTGGGCCTCCCCGGGGTCGGCGTCGGGTTGAGGGCGGCCGGGGGGAACCAGCGACATGCGGAGAGCAGCGCAGG CGACTCAGGGCGCTTCCCCCGCAG

5

10

15

20

25

30

35

40

Intron 2 (SEQ ID NO 5)

GTGAGGAGGTGGTGGCCGTCGAGGGCCCAGGCCCCAGAGCTGAATGCAGTAGGGGCTCAGAAAAGGGGGCAGGAGACCC CGAGGCCAGAGCAGTGAACAGAGGAGGCTGGGCGCGGCAGTGGAGCCGGGTTGCCGGCAATGGGGAGAAGTGTCTGGAAG AGATTTAATTGTGTGTTGACGGCCAGGTGCGGTGGCTCACGCCGGTAATCCCAGCACTTTGGGAAGCTGAGGCAGGTGGA TCACCTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCTATCTGTACTAAAAATACAAAAATTAGCTG GGCATGGTGGTGTGTGCCTGTAATCCCAGCTACTTGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCACTTGAACCCAGGAGGCGGAGGC CGTTGATTGTGCCAGGACAGGGTAGAGGGAGGGAGATAAGACTGTTCTCCAGCACAGATCCTGGTCCCATCTTTAGGTAT GAAGAGGGCCACATGGGAGCAGAGGACAGCAGATGGCTCCACCTGCTGAGGAAGGGACAGTGTTTGTGGGTGTTCAGGGG ATGGTGCTGCTGGGCCCTGCCGTGTCCCCACCCTGTTTTTCTGGATTTGATGTTGAGGAACCTCCGCTCCAGCCCCCTTT TGGCTCCCAGTGCTCCCAGGCCCTACCGTGGCAGCTAGAAGAAGTCCCGATTTCACCCCCTCCCCACAAACTCCCAAGAC AAAAGTCATATAACATGAGATTGGCACTCCTAACACCGTTTTCTGTGTACAGTGCAGAATTGCTAACTCGGCGGTGTTTA CAGCAGGTTGCTTGAAATGCTGCGTCTTGCGTGACTGGAAGTCCCTACCCATCGAACGGCAGCTGCCTCACACCTGCTGC GAGAGTTTGAGTTCTCTGATCAGGACTCTGCCTGTCATTGCTGTTCTCTGACTTCAGATGAGGTCACAATCTGCCCCTGG CTTATGCAGGGAGTGAGGCGTGGTCCCCGGGTGTCCCTGTCACGTGCAGGGTGAGGCGTTGCCCCCAGGTGTCCCT GTCACGTGTAGGGTGAGTGAGGCGCGGCCCCCGGGTGTCCCCTGTCCCGTGCAGCGTGATTGAGGTGTGGCCCCCGGGTGT GAGGCTCTGTCCCCAGGTGTCCTTGGCGTTTGCTCACTTGAGCTTGCTCCTGAATGTTTGCTCTTTCTATAGCCACAGCT GCGCCGGTTGCCCATTGCCTGGGTAGATGGTGCAGGCGCAGTGCTGGTCCCCAAGCCTATCTTTTCTGATGCTCGGCTCT TCTTGGTCACCTCTCCGTTCCATTTTGCTACGGGGACACGGGACTGCAGGCTCTCGCCTCCCGCGTGCCAGGCACTGCAG TCTCCCAGCTTGTCTCATGCCGAGGCTGGACTCTGGGCTGCCTGTGTCTGCTGCCACGTGTTGCTGGAGACATCCCAGAA TTGGCCCCCTTGGGTGGGTGGCAACGCTTGTCACCTTATTCTGGGCACCTGCCGCTCATTGCTTAGGCTGGGCTCTGCCT

10

15

20

25

30

35

40

4

GAGGGCCGGTGTCTCCGCCAGCCTTCGTCAGACTTCCCTCTTGGGTCTTAGTTTTGAATTTCACTGATTTACCTCTGACG TTTCTATCTCTCCATTGTATGCTTTTTCTTGGTTTATTCTTTCATTCCTTTTCTAGCTTCTTAGTTTAGTCATGCCTTTC CCTCTAAGTGCTGCCTTACCTGCACCCTGTGTTTTGATGTGAAGTAATCTCAACATCAGCCACTTTCAAGTGTTCTTAAA AATCATTTTGATATCAGTGACTTTTAAGTATTCTTTAGCTTATTCTGTGATTTCTTTGAGCAGTGAGTTATTTGAACACT GTTTATGTTCAAGATATGTAGAGTATCAAGATACGTAGAGTATTTTAAGTTATCATTTATTGATTTCTAACTCAGT ${\tt TGTGTGGTGTGTATAATACCAATTATTTGAAGTTTGCGGAGCCTTGCTTTGTGATCTAGTGTGTGCATGGTTTCCAG}$ AAGCTTCTGTCTCTAGATGCATGAAATTCCAAGAAGGAGGCCATAGTCCCTCACCTGGGGGATGGGTCTGTTCATT ${\tt TCTTTTGGAGACTTCTATGTCTCTAGTAATCTAGTAATTCTTTTTTTAAATTGCTCTAGTACTGCCACACTGGGCTTCT$ GAGTCTTGGTCTGTCGCCCAGGGTGAGTGCAGTGTGTGATCACAGGTCAGTGTAACTTTTACCTTCTGGCCTGAGCCGT CCTCTCACCTCAGCCTCCTGAGTAGCTGGAACTGCAGACACGCACCCGCTACACCTGGCTAATTTTTAAATTTTTTCTGGA GACAGGGTCTTGCTGTGTTGCCCAGGCTGGTCTCAAACTCTTGGACTCAAGGGATCCATCTACCTCGGCTTCCCAAAGTG CTGAATTACAGGCATGAGCCACCATGTCTGGCCTAATTTTCAACACTTTTATATTCTTATAGTGTGGGTATGTCCTGTTA ACTAGAGACCCGCCTGGTGCACTCTGATTCTCCACTTGCCTGTTGCATGTCCTCGTTTCCTCACCACCTCTTG GGTTGCCATGTGCGTTTCCTGCCGAGTGTGTGTTGATCCTCTCGTTGCCTCCTGGTCACTGGGCATTTGCTTTTATTTCT CTTTGCTTAGTGTTACCCCCTGATCTTTTATTGTCGTTGTTTTGTTTTATTGAGACAGTCTCACTCTGTCACCCA GGCTGGAGTGTAATGGCACAATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCTCCTCGGTTCAAGCAGTTCTCATTCCTCAACCTCA TGAGTAGCTGGGATTACAGGCGCCCACCACCACGCCTGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGATAGGCTTTCACCATGT TGGCCAGGCTGGTCTCAAACTCCTGACCTCAAGTGATCTGCCCGCCTTGGCCTCCCACAGTGCTGGGATTACAGGTGCAA GCCACCGTGCCCGGCATACCTTGATCTTTTAAAATGAAGTCTGAAACATTGCTACCCTTGTCCTGAGCAATAAGACCCTT AGTGTATTTTAGCTCTGGCCACCCCCAGCCTGTGTGCTGTTTTCCCTGCTGACTTAGTTCTATCTCAGGCATCTTGACA CCCCCACAAGCTAAGCATTATTAATATTGTTTTCCGTGTTGAGTGTTTCTGTAGCTTTGCCCCCGCCCTGCTTTTCCTCC TTATTGCTGGTAAACCCCAGCTTTACCTGTGCTGGCCTCCATGGCATCTAGCGACGTCCGGGGACCTCTGCTTATGATGC ACAGATGAAGATGTGGAGACTCACGAGGAGGGGGGGTCATCTTGGCCCGTGAGTGTCTGGAGCACCACGTGGCCAGCGTTC CTTAGCCAGTGAGTGACAGCAACGTCCGCTCGGCCTGGGTTCAGCCTGGAAAACCCCAGGCATGTCGGGGTCTGGTGGCT CCGCGGTGTCGAGTTTGAAATCGCGCAAACCTGCGGTGTGGCGCCAGCTCTGACGGTGCTGCCTGGCGGGGGAGTGTCTG ATGTGGATAATTTTAAAATTTCTAGGCTGGGCGCGCTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAGGCCGG TGGATCACGAGGTCAGGAGGTCGAGACCATCCTGGCCAACATGATGAAAACCCCATCTGTACTAAAAAACACAAAAATTAGC TGGGCGTGGTGGCGGGTGCCTGTAATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATTGCTTGAACCTGGGAGTTGGAA TTTGTCTGCGGGATCCCGTGTGTAGGTCCCGTGCGTGGCCATCTCGGCCTGGACCTGCTGGGCTTCCCCATGGCCATGGCT GTTGTACCAGATGGTGCAGGTCCGGGATGAGGTCGCCAGGCCCTCAGTGAGCTGGATGTGCAGTGTCCGGATGGTGCACG

10

15

20

25

30

40

GCCCTCGGTGAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATG TGTGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCAGGTGAGGTCTCCAGGCCCTCGGTAAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCA GGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCTGCTGTGAGCTGGATGTGTGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCACC AGGCCCTGCGGTGAGCTGCGGTGTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGAGTGAGGTCGCCAGACGGTGCCAGACCATGC GGTGAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTTGCCAGGCCCTGCTGTGAGTTGGATGTGGGGT GCCCTCGGTGAGCTGGATGTCCAGATGCTGCAGGTCCGGGTGAGGTCGCCAGACCCTGCGGTGAGCTGGATG TGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGAGTGAGGTCGCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGATGTATGGAGTCCGGATGGTGCC GGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGACCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTACAGGTCTGGAGTGAGGTCGCC AGACCCTGCTGTGAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCAGGGGTGAGGTCTCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGA GGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAACTGGATGTGCGGCGTCTGGATGGT GCAGGTCTGGGGTGTGGTCGCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCG ${\tt CCAGGCCCTGCTGTGAGGTGGGGGGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGGGGGGCCAGGCCCTCGGTGAGCTG}$ GAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGTGAGGTTGCCAGGCCCTGCTGTAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATG GTGCAGTCCGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGT CACCAGGCCCTGCGGTGAGCTGGTGTGCGGTGTCCGGTTGCTGCAGGTCCGGGGTGAGTTCGCCAGGCCCTCGGTGAGC TGGATGTGCGGTGTCCCGGTGTCCGGATGGTCCAGGGTCAGGGTCGCTAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGCCGT GTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCCAGGCCTTTGGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGCATGGTGCAGGTCTG GGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGTTGGATGTGTGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCCGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCT GCTGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTAGCCAAGGCCTTCGGTGAGCTGGATGTGGG GTGTCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGT CCGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGG CCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCAGTGAGCTGGATG TGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATATGCGGTGTCGGATGGTGCA GGTCCGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATGTGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCC AGGCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGG ATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGCGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGGATGTGCAGTGTACGGATGG $\tt TGCAGGTCGGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGGGCTGTATGTGTGTTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGTT$ TGGATATGCGGTGTCCCGTGTCCGAATGGTGCAGGTCCAGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGCCGT GTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCCG GGGTGAGGTCACCAGGCCCTCGGTGATCTGGATGTGGCATGTCCTTCTCGTTTAAG

35 Intron 3 (SEQ ID NO 6)

10

15

20

25

30

40

GCDACCTCCACCTCCTGGGTTTAAGCGATTCACCAGCCTCAGCCTCCTAAGTAGCTGGGATTACAGGCACCTGCCACCAC ${\tt GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTTAGGAGAGACGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG \ {\tt T} \ {\tt GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTAGGAGAGAGAGGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG \ {\tt T} \ {\tt GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTAGGAGAGAGAGGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG \ {\tt T} \ {\tt GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTAGGAGAGAGAGGGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG \ {\tt T} \ {\tt GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTTAGGAGAGAGGGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG \ {\tt T} \ {\tt GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTTAGGAGAGACGGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG$ TGATCCACCCACCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGTTTACAGGCTAAGCCACCGTGCCCAGCCCCCGATTCTCTTTTAATT GCTGTGAGATTTTGTCTGCAATGTTCGGCTGATGAGAGTGTGAGATTGTGACAGATTCAAGCTGGATTTGCATCAGTGAG GGACGGGAGCGCTGGTCTGGGAGATGCCAGCCTGGCTGAGCCCAGGCCATGGTATTAGCTTCTCCGTGTCCCGCCCAGGC TGACTGTGGAGGGCTTTAGTCAGAAGATCAGGGCTTCCCCAGCTCCCTGCACACTCGAGTCCCTGGGGGGCCTTGTGAC ACCCCATGCCCCAAATCAGGATGTCTGCAGAGGGAGCTGGCAGCAGACCTCGTCAGAGGTAACACAGCCTCTGGGCTGGG GACCCCGACGTGGTGCTGGGGCCATTTCCTTGCATCTGGGGAGGGTCAGGGCTTTCCCTGTGGGAACAAGTTAATACAC AATGCACCTTACTTAGACTTTACACGTATTTAATGGTGTGCGACCCAACATGGTCATTTGACCAGTATTTTGGAAAGAAT TTAATTGGGGTGACCGGAAGGACGACAGACGTGGTGGTCCCCAAGATGCTCCTTGTCACTACTGGGACTGTTGTTCTG $\tt CCTGGGGGGCCTTGGAGGCCCTCCTCCTGGACAGGGTACCGTGCCTTTTCTACTCTGCTGGGCCTGCGGCCTGCGGTC$ AGGGCACCAGCTCCGGAGCACCCGCGGCCCCAGTGTCCACGGAGTGCCAGGCTGTCAGCCACAGATGCCCAGGTCCAGGT GTGGCCGCTCCAGCCCCCGTGCCCCCATGGGTGGTTTTTGGGGGAAAAGGCCAAGGGCAGAGGTGTCAGGAGACTGGTGGG CTCATGAGAGCTGATTCTGCTCCTTGGCTGAGCTGCCCTGAGCAGCCTCTCCCGCCCTCTCCATCTGAAGGGATGTGGCT CTTTCTACCTGGGGGTCCTGCCTGGGGCCAGCCTTGGGCTACCCCAGTGGCTGTACCAGAGGGACAGGCATCCTGTGTGG AGGGGCATGGGTTCACGTGGCCCCAGATGCAGCCTGGGACCAGGCTCCCTGGTGCTGATGGTGGGACAGTCACCCTGGGG GTTGACCGCCGGACTGGGCGTCCCCAGGGTTGACTATAGGACCAGGTGTCCAGGTGCCCTGCAAGTAGAGGGGCTCTCAG AGGCGTCTGGCTGGCATGGGTGGACGTGGCCCCGGGCATGGCCTTCAGCGTGTGCTGCCGTGGGTGCCCTGAGCCCTCAC TGAGTCGGTGGGGCTTGTGGCTTCCCGTGAGCTTCCCCCTAGTCTGTTTGTCTGGCTGAGCAAGCCTCCTGAGGGGCTCT CTATTGCAG

Intron 4 (SEQ ID NO 7)

35 Intron 5 (SEQ ID NO 8)

10

15

20

25

30

35

40

:

AGTGGGGGACACCGCCAGGCCAGGCCCTGAGGGCAGAGGTGATGTCTGAGTTTCTGCGTGGCCACTGTCAGTCTCCTCGC CTCCACTCACACAG

5'-Bereich Intron 6 (SEQ ID NO 9)

3'-Bereich Intron 6 (SEQ ID NO 10)

TGTGGGATTGGTTTTCATGTGTGGGATAGGTGGGGATCTGTGGGATTGGTTTTTATGAGTGGGGTAACACAGAGTTCAAG GCGAGCTTTCTTCCTGTAGTGGGTCTGCAGGTGCTCCAACAGCTTTATTGAGGAGACCATATCTTCCTTTGAACTATGGT CGGGTTTATAGTAAGTCAGGGGTGTGGAGGCCTCCCCTGGGCTCCCTGTTCTGTTTCTTCCACTCTGGGGTCGTGTGGTG CCTGCTGTGTGTGTGGGCCGGTGGGCAGGGCTTCCAGGCCTCCTTGTGTTCATTGGCCTGGATGTGGCCCTGGCTACGCT GTCTCGCTCTTTTTTGCCCAGGCTGGAGTGGTTTGGCGTGATCTTGGCTCACTGCAACCTGTGCTTCCTGAGTTCAAGCA ATTCTCTTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGAATTATAGGCGCCCACCACCATGCTGACTAATTTTTGTAATTTTAGTAG AGACGAGGTTTCTCCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCTCCCACCTCGGCCTCCCAAAGT GCTGGGATGACAGGTGTGAACCGCCGGCCCGGCCGAGACTCGCTTCCTGCAGCTTCCGTGAGATCTGCAGCGATAGCTG CCTGCAGCCTTGGTGCTGACAACCTCCGTTTTCCTTCTCCAGGTCTCGCTAGGGGTCTTTCCATTTCATGACTCTCTTCA CAGAAGAGTTTCACGTGTGCTGATTTCCCGGCTGTTTCCTGCGTAATTGGTGTCTGCTGTTTATCGATGGCCTCCTTCCA TCTAAACAAGCATCTGAAGTTGCCGTTTTCCCTCTAAAGCAGGGATCCCGAGGCCCCTGGCTGTGGAGTGGCACCGGTCT GGGGCCTGTTAGGAACCCGGCGCACAGCGGGAGGCTAGGTGGGGTGTGGGGAGCCAGCGTTCCCGCCTGAGCCCCGCCCC TCTCAGATCAGCAGTGGCATGCGGTGCTCAGAGGCGCACACACCCTACTGAGAACTGTGCGTGAGAGGGGTCTAGATTCT GTGCTCCTTATGGGAATCTAATGCCTGATGATCTGAGGTGGAACCGTTTGCTCCCAAAACCATCCCCTTCCCCACTGCTG TCCTGTGGAAAAATCGTCTTCCACGAAACCAGTCCCTGGTACCACAATGGTTGGGGACCCTGTGCTAAAGACCTGCTTCA GCAGCCTCTCGTCAGTGTTGATATATTGGCTTTTCTGTGTTGAGTCCAGAATAATTACGGATTTCTGTGATGCTTTCCGC $\tt CGACCTCAGACCCATGGGCTATTTGTGGGCGTGTTGCCTGCTTCCTGGGTTGGGAAGGGTGCAGGCCCCATGTACCTTCCT$ ${\tt GTTACTGCCTTCCAGGTTGGTTCTCAGGGTTGAATCGTACTCGATGTGGTTTTAGCCCACGGCCCTGCCGCCAGCTCCTG}$ GGGGCTGGGGAACATGCTGAAGCACAGAGTCACCGTGCGCGTCTTTTGATGCCTCACAAGCTCGAGGCCTCCTGTGTCCG TGTTAGTGTGTCACGTGCCTGCTCACATCCTGTCTTGGGGACGCAGGGGCTTAGCAGGTCCCGTAGTAAATGACAAGC

10

15

20

25

30

35

40

:

GTGGCTGCACCTGCATCCCTGCAATCCCTCCAGCACTGGGCTGGAGAGGCCCGGGAGCTCGAGTGCCACCTTGTGCCACGT GACTGTGGATGGCAGTCGGTCACGGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTTGGTCACAGGGGTCTGATGTGTG GTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGG ATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTG GGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCAGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATG TGGTGACTGTGGATGGCAGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACT GTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGG CGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGGTGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCA CAGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCACAG TCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGATCGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCT GACTGTGGATGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGAT GGCGGTTGGTCCCGGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCAG ${\tt TCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGGGGTCTGATGT}$ GACTGTGGATGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGAT GGGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTAGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGCAGTCG GTCACAGGGGTCTGATGTGGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGACTGTGGATGGCGGTCGTGG GTGGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGGTAGCTGCAGGTGGAGTCCCAGGTGTGTCTGTAGCT ACTTTGCGTCCTCGGCCCCCGGCCCCGTTTCCCAAACAGAAGCTTCCCAGGCGCTCTCTGGGCTTCATCCCGCCATCG $\tt GGCTTGGCCGCAGGTCCACACGTCCTGATCGGAAGAAACAAGTGCCCAGCTCTGGCCGGGGCAGGCCACATTTGTGGCTC$ ATGCCCTCTCCTCTGCCGGCAG

Intron 7 (SEQ ID NO 11)

10

15

20

25

30

35

40

Intron 8 (SEQ ID NO 12)

:

 ${\tt TCCCGAGGCCCGGAAACATGGCTCGGCTTGCGGCAGCCGGAGCGGAGCAGGTGCCACACGAGGCCTGGAAATGGCAAGC}$ GGATTTTATCCGATTCTCATTCCTGTCCTGTCGTGTGACCCCCGCGGGGCGCGGGCTCTTCTCTCTGTGACTAGATTT GAGAGCTGCCGTCACACAGCCACTGGGTGAGCCACACTCACGGTGGTAGAGCCACAGTGCCTGGTGCCACATCACGTCCT CACAAATTGCACATGGCAGCAGAGTGAATTTTGGCCGAGGGACACGTGTGCACATGTGTGTAAGCGGCCCCCAGGCCCAC AGAATTCGCTGACAAAGTCACCTCCCCAGAGAAGCCACCACGGGCCTCCTTCGTGGTCGTGAATTTTATTAAGATGGATC GGTGACTGTGTCTGTCCTGTCCCTAGGACACGGACAGGCCCGAAGCTCTAGTCCCCATCGTGGTCCAGTTTGGCCTCTGA TCTGCTTGCGTTGACTCGCTGGCCTGGCCGGACTCCTAGAGTTGGTGCGTGTGCTTCTGTGCAAAAAGTGCAGTCCTCTT CTGTTGTCTGCCTGGGCTTGAGTGCAGTGCGCGATCTCAACTCACTGCAACCTCCGCCTCCCGGGTTCCAGCATTTCTC GGATTACAGGTGTGAGCCATCACGCCCAGCCGGAAAGCCTCTTTTTAAGGTGACCACCTATAGCGCTTCCCGAAAATAAC AGGTCTTGTTTTTGCAGTAGGCTGCAAGCGTCTCTTAGCAACAGGAGTGGCGTCCTGTGGGCTCTGGGGATGGCTGAGGG TCGCGTGGCAGCCATGCCTTCTGTGTGCACCTTTAGGTTCCACGGGGCTATTCTGCTCTACTGTTTGTCTGAAAACGCA ${\tt CCCTTGGCATCCTTGTTTGGAGGGTTTCTCGTTGGTCATGCTGAAACTAGGGGCAAGGTTGTATCCGTTGGCGC}$ AGAGCAAGGATGTGGTCACACCTGTGGCTGGATCTGTTTCAGCCGCCCCAGTGCATGGTGAGAGTGGGGAGCAGGGATTG TTTGTTCAGAGGTCTCATCTGGTATGTTTCTGAGGTGTTTGCCGGCTGAATGGTAGACGTGTCGTTTGTGTGTATGAGGT TCTGTGTCTGTGTGTGGCTCGGTTTGAGTGTACGCATGTCCAGCACATGCCCTGCCCGTCTCTCACCTGTGTCTTCCCGC CCCAG

Intron 9 (SEQ ID NO 13)

GTGAGGCCTCCTCTCCCCAGGGGGGCTTGGGTGGGGGTTGATTTGCTTTTGATGCATTCAGTGTTAATATTCCTGGTGC
TCTGGAGACCATGACTGCTCTGTCTTGAGGAACCAGACAAGGTTGCAGCCCCTTCTTGGTATGAAGCCGCACGGGAGGGG
TTGCACAGCCTGAGGACTGCGGGCTCCACGCAGGCTCTGTCCAGCGGCCATGTCCAGAGGCCTCAGGGCTCAGCAGGCGG
GAGGGCCGCTGCCTGCATGATGAGCATGTGAATTCAACACCGAGGAAGCACCAGCTTCTGTCACGTCACCCAGGTTC

10

15

20

25

30

35

40

CGTTAGGGTCCTTGGGGAGATGGGGCTGGTGCAGCCTGAGGCCCCACATCTCCCAGCAGGCCCTCGACAGGTGGCCTGGA ATGTGCACGACGTGCAGGTTAGTTACATATGTATACATGTGCCATGTTGGTGTGCTGCACCCATTAACTCATCATCTACA TTAGGTATATCTCCTAATGCTATCCCTCCCCACTCCCCATCCCATGACAGGCCCTGGTGTGTGATGTTCCCCACCCTG GCTCAGAGTGATGGTTTCCAGCTTCGTCCATGTCCCTACAAAGGACATGAACTCATCCTTTTTTATGACTGCATAGTATT GTGAATAGTGCCGCAATAAACATACGTGTGCATGTGTCTTTATAGCAGCATGATTTATAATCCTTTGGGTATATACCCAG TAATGGGATGGCTGGGTCAAATGGTATTTCTAGTTCTAGATCCTTGAGGAATCACCACACTGTCTTCCACAATGGTTGAA CTAGTTTACACTCCCACCAACAGTGTAAAAGTGTTCTGGTGCTGGAGAGGATGTGGACAGCAGTTATTTTTTTATGAAAA TAGTATCACTGAACAAGCAGACAGTTAGTGAAGGATGCGTCAGGAAGCCTGCAGGCCACACAGCCATTTCTCTCGAAGAC TCCGGGTTTTTCCTGTGCATCTTTTGAAACTCTAGCTCCAATTATAGCATGTACAGTGGATCAAGGTTCTTCTTCATTAA GGTTCAAGTTCTAGATTGAAATAAGTTTATGTAACAGAAACAAAAATTTCTTGTACACACAACTTGCTCTGGGATTTGGA GGAAAGTGTCCTCGAGCTGGCGGCACACTGGTCAGCCCTCTGGGACAGGATACCTCTGGCCCATGGTCATGGGGCGCTGG GCTTGGGCCTGAGGGTCACACAGTGCACCATGCCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACC GCTGATGGTAAACACTGAGTACTTATAATGAATGAGGAATTGCTGTAGCAGTTAACTGTAGAGAGCTCGTCTGTTGGAAA TCGTAGACAGATACTACGTAAAAAGTGTAAAGTTAACCTTGCTGTGTATTTTCCCTTATTTTAG

Intron 10 (SEQ ID NO 14)

GTGAGGCCCGTGCCGTGTCTGTGGGGACCTCCACAGCCTGTGGGCTTTGCAGTTGAGCCCCCCGTGTCCTGCCCCTGG CACCGCAGCGTTGTCTCTGCCAAGTCCTCTCTCTCTGCCGGTGCTGGATCCGCAAGAGCAGAGGCGCTTGGCCGTGCACC CAGGCCTGGGGGCGCAGGGCACCTTCGGGAGGGAGTGGGTACCGTGCAGGCCCTGGTCCTGCAGAGACGCACCCAGGTT ACACACGTGGTGAGTGCAGGCGGTGACCTGGCTCCTGCTGCTCTTTGGAAAGTCAAGAGTGGCGGCTCCTGGGGCCCCAG TGAGACCCCCAGGAGCTGTGCACAGGGCCTGCAGGGCCGAGGCGGCAGCCTCCTCCCCAGGGTGCACCTGAGCCTGCGGA GAGCAGGAGCTGCTGAGTGAGCTGGCCCACAGCGTTCGCTGCGGTCACGTTCCTGCGTGGGGTTGTTTGGGATCGGTGGG A GA ATTTGGATTTGCTGAGTGCTGTCTTGAACCACGGAGATGGCTAGGAGTTGGGTTTCAGAGTTGATTTTTGTGAATCAAACTAAAATCAGGCACAGGGGACCTGGCCTCAGCACAGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCTCAAGGGCGCCCCACAG AGCCGGTGGGCTTGTTTTAAAGTGCGATTTGACGAGGGACGAGAAACCTTGAAAGCTGTAAAGGGAACCCTCAGAAAATG TGGCCGCCAGGGGTGGTTTCAGGTGCTTTGCTGGGCTGTGTTTGTGAAAACCCATTTGGACCCGCCCTCCAAGTCCACCC TCCAGGTCCACCCTCCAGGGCCGCCCTGGGCTGGGGGTATGCCTGGCGTTCCTTGTGCCGCAGCCCGGAGCACAGCAGCA TGTGCACATTTAAATCCACTAAGATTCACTCGGGGGGGGCCCCAGGTCCCAAGCAACTGAGGGCTCAGGAGTCCTGAGGCT GCTGAGGGGACAGAGCAGACGGGGAACGCTGCTTCTGTGTGGCAAGTTCCTGAGGGTGCTGGCCAGGGAGGTGGCTCAGA GTGTATGTTGGGGTCCCACCGGGGGCAGAACTCTGTCTCTGATGAGTCGGCAGCCATGTAACAGGAAGGGGTGGCCACAG GGAGCTGGGAATGCACCAGGGGAGCTGCGCAGCTGGCCGAGGTCCCAGGGCCACAGGAAGGGCAGGGGGACGCCC GGGGCCACAGCAGAGGCCGCAGGAAGGGAAGGGGATGCCCAGGCCAGAGCAGAGGCTACCGGGCACAGGGGGGCTCCCTG AGCTGGGTGAGCGAGGCTCATGACTCGGCGAGGGAACCTCCTTGACGTGAAGCTGACGACTGGTGTTGCCCAGCTCACAG

10

15

20

25

30

35

40

:

Intron 11 (SEQ ID NO 15)

GTGAGCGCACCTGGCCGGAAGTGGAGCCTGTGCCCGGCTGGGGCAGGTGCTGCTGCAGGGCCGTTGCGTCCACCTCTGCT TCCGTGTGGGGCAGGCGACTGCCAATCCCAAAGGGTCAGAGGCCACAGGGTGCCCCTCGTCCCATCTGGGGCTGAGCAGA AATGCATCTTTCTGTGGGAGTGAGGGTGCTCACAACGGGAGCAGTTTTCTGTGCTATTTTGGTAAAAGGAAATGGTGCAC CAGACCTGGGTGCACTGAGGTGTCTTCAGAAAGCAGTCTGGATCCGAACCCAAGACGCCCGGGCCCTGCTGGGCGTGAGT $\tt CTCTCAAACCCGAACACAGGGGCCTGCTGGGCATGAGTCCCTCTGAACCCGAGACCCTGGGGCCCTGCTGGGCGTGAGT$ AATTCTGGGGTCTTGTTTCCCCAGAGCCCGAGAGCTCAAGGCCCCGTCTCAGGCTCAGACACAAATGAATTGAAGATGA ATAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGTGGGTGGATCACTTGAGGCCAGGAGTTTGAGGCCAACCTAACCAACATAGTG AAATTCCATTTCTACTTAAAAAATACAAAAATTAGCCTGGCCTGGTGGCACACGCCTGTAGTCCCCGCTATGCGGGAGGC TGAGGCAGGAGAATCATTTGAACCCAGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCGAGATCACACCACTGCACTCCAGCCTGGGCA ACAGAGTGAGACTTCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAGTATCAGCATTCCAAAACCATAGTGGACAGGTGTTTTTTTATTC TGTCCTTCGATAATATTTACTGGTGCTGTGCTAGAGGCCGGAACTGGGGGTGCCTTCCTCTGAAAGGCACACCTTCATGG GAAGAGAAATAAGTGGTGAATGGTTAAACCAGAGGTTTAAACTGGGGTCCTGTCGTTCTGAGTTAACAGTCCAGATC TGGACTTTGCCTCTTTCCAGAATGCTCCCTGGGGTTTGCTTCATGGGGGAGCAGCAGGTGTGGACACCCTCGTGATGGGG GAGCAGCAGGTGCAGACGCCCTCATGATGGGGGGAGTGGCAGGTGCAGACACCCTTGTGCATGGTGCCCAGCATGTCCCTG TTGCAGCTCCCTCCCCACAAGGATGCCGGTCTCCTGTGCTCCCCACAGTCCCTGCTTCCCTCTCACAGGCTTACCTGGTC CTGGCCTCCACTGGCTTTGTCTGCATGATTTCCACATTTCCTGGGCTCCCAGCACCTCTTCGCCTCTCCCAGGCACCTCT GCAGTGCTGGCCATACCAGTCAGCTGTGAACTGTCCACTGCTTATTTTGCTCCCCATGAAATGTATTTTTTAGGACAGGC CCAGAATATTCTGTGCTCCCAAAGGCCACTTGGTCAGAGTGTGTGCTTGCAGAGGTGGCTCTAAAAGCTCAGCAGTGGAG GCAGTGGTTCGCCATACTCAGGGTGAACTCACATCCTCTGTGTCTGAAGTATACAGCAGAGGCTTGAAGGGCATCTGGGA GAAGAAAACAGGCAAAATGATTAAGAAAAGTGAAAAAGGAAAAGTGGTAAGATGGGAATTTTCTTGTCCAGATTTTAGTC TCCCAAACCACAGCTCAGATGGTAGAATGTGGTCAGAACTGATGGACAGAACAATAGAACAAAACGGAAGCCCTATCTCT GACTGGAAGCAAATAAGTTGTGTCTTTACAGCATATACCAGAGCAGATTCTAGGTAGAAGAGGAGACACATGCAAACAAC ACCAGCAACAGAAATAAAACAAAAGACTCAAAGGGAAGGGAGGTGAACGTTCCCTGGTTTGGTGTTGGGGAAGGACACAC AGGGAGGCGGATGAAACCAGTGAGCCAACGGGCATTGCTTTCACTGCAGAGAAACTCAGCTTGCCTGAGCCACAGTGAAA

10

15

20

25

30

35

40

GTTCTCCTAACCACCTGAGAGGTAGAGGGAAAGGCTCCAGGGGAGCAGCCGCCCTTGGTCACCCAGCTGGCAAAGGGC ATGCATGATTGCAGCCTGCCTCCTGCTCCGGGGCCCTTGCTCTGCCCGAGGACCCCACACAGTCAGACCCATAGGCTC AGGGTGAGCCGAAGGTCGTGTTGGGGATGGCTGTGAAAGAAGAAATGGACGTCTGATGCACACTTGGGAAGGTC CTACCAGCAGCGTCAAAGAAATGCATGTGAAACTGACAGCGAGACCCATCCCTCAAAGAAACGCACGTGAAACTGATGGC GAGACCTGTCCCCATCCTCATGCTGGCTCCTTTTCTGGGCTTGCCAAGAGCCAGCATCAGGTTGAGGCAAGCTGGAAAG ACTTTTCTGGAAAGCAGCTTGTTTGCATGGAAGTCCTCACAATGTCCTGTGTCTTCCCAGTAATTCCACTTCTGAAGTGA CAAATACAGGGCTAAGGAGATATTATGCATCACAAAACTTGCTCTGCCATTAAACATTTTTCAAAGAATTTTTGAAGAAT GTTTAATGGCACAAAACGTTTATTTCAATGTAGCAGTGTTCAAAGCTGGATGTAAAAGAACACCCCCAGGAGCCTGCCG GCTCTTCCATCCCTGAGATTCAAACACAGTGAGATTCCCCACGCCCAACTCAGTGTTCTCCCACAAAAAACCTGAGTCAC ACCTGTGTTCACTCGAGGGACGCCCGGGAGCCAGGGCTCCACAGTTTATTATGTGTTTTTTGGCTGAGTTATGTGCAGATC TCATCAGGGCAGATGATGAGTGCACAAACACGGCCGTGCGAGGTTTGGATACACTCAACATCACTAGCCAGGTCCTGGTG GAGTTTGGTCATGCAGAGTCTGGATGGCATGTAGCATTTGGAGTCCATGGAGTGAGCACCCAGCCCCTTCGGGCTGCAGC GCATGCCCCAGGCAGGACAAGGAAGCGGGAGGAAGGCAGGAGGCTCTTTGGAGCAAGCTTTGCAGGAGGGGGGCTGGGTGT GGGGCAGGCACCTGTGTCTGACATTCCCCCCTGTGTCTCAG

Intron 12 (SEQ ID NO 16)

Intron 13 (SEQ ID NO 17)

5

10

20

25

30

48

ACAAGCCTCGGGGCTGTACCAAAGGGCAGTCGGGCACCACAGGCCCGGGCCTCCACCTCAACAGGCCTCCCGAGCCACTG

AGGCTGCGCGAATTACCGTGCACACTTGATGTGAAATGAGGTCGTCGTCTATCGTGGAAACCCAGCAAGGGCTCACGGGA

CCGGGACCTTAGGCTTATTTATTTGTTTAAAAACATTCTGGGCCTGGCTTCCGTTGTTGCTAAATGGGAAAAACATCCCCACCTCAGCAGAGTTACTGAGAGGCTGAAACCGGGGTGCTGGCTTGACTGGTGATCTCAGGTCATTCCAGAAGTGGCTCAGGAAGTCAGTGAGACCAGGTACATGGGGGGGCTCAGGCAGTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGCTCAGGCAGTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGCTCAGGCAGTGGGTACATGGGGGGCTCAGGCACTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGGCTCAGGCAGAGCCAGGTACA

ACGGGGGCTCTGATCACACGCACATATGAGCACATGTGCACATGTGCTGTTTCATGGTAGCCAGGTCTGTGCACACCTGCCCCAAAGTCCCAGGAAGCTGAGAGGCCAAAGATGGAGGCTGACAGGGTGGCGCGGGGGCTCACACCTGTAGTCCCAGCACCTTTGGGAGGCCGAGGGGGGGAGGACCCCATGAGCCCAGGAGTTTAAGACCAGCCTGAGCAACATAGTAGAACCCCATCTC

Intron 14 (SEQ ID NO 18)

5

10

20

25

30

35

40

Intron 15 (WEQ ID NO 19)

÷

15 3'-untranskribierter Bereich (SEQ ID NO 20)

GCCTGGCTGGGCCTGGGAGGTTTCTGATGCTGTGAGGCAGGAGGGGAAAGGAGGGTAGGGGATAGACAGTGGGAGCCCCCA CCCTGGAAGACATAACAGTAAGTCCAGGCCCGAAGGGCAGCAGGGATGCTGGGGGGCCCAGCTTGGGCGGCGGGGATGATG GGTGCACATCCTCTGGGCCATCAGCTTTCATGGAGGTGGGGGGCAGGGCATGACACCATCCTGTATAAAATCCAGGATT CCTCCTGAACGCCCAACTCAGGTTGAAAGTCACATTCCGCCTCTGGCCATTCTCTTAAGAGTAGACCAGGATTCTG ATCTCTGAAGGGTGGGTGGGGCAGTGGAGGGTGTGGACACAGGAGGCTTCAGGGTGGGGCTGGTGATGCTCTCTC ATCCTCTTATCATCTCCCAGTCTCATCTCTCATCCTCTTATCATCTCCCAGTCTCATCTGTCTTCCTCTTATCTCCCAGT CTCATCTGTCATCCTCTTACCATCTCCCAGTCTCATCTCTTATCCTCTTATCTCCTAGTCTCATCCAGACTTACCTCCCA GAGGGGCGGCTCAGAGGGACGCAGTCTTGGGGTGAAGAACAGCCCCTCCTCAGAAGTTGGCTTGGGCCACACGAAACCG AGGGCCCTGCGTGAGTGGCTCCAGAGCCTTCCAGCAGGTCCCTGGTGGGGCCTTATGGTATGGCCGGGTCCTACTGAGTG CACCTTGGACAGGGCTTCTGGTTTGAGTGCAGCCCGGACGTGCCTGGTGTCGGGGTGGGGGGCTTATGGCCACTGGATATG GCGTCATTTATTGCTGCTGCTTCAGAGAATGTCTGAGTGACCGAGCCTAATGTGTATGGTGGGCCCAAGTCCACAGACTG AGGGCGGGGACTTCCCAGGAGCAGGCCGCTGCTCAGGCACACCTGGGTTTGAATCACAGACCAACaGGTCAGGCCATT ${\tt GTTCAGCTATCCTACAAAGCTCCAGATTCCTGTTTCTCCGGGTGTTTTTTGTTGAAATTTTACTCAGGATTACT}$ TATATTTTTTGCTAAAGTATTAGACCCTTAAAAAAGGTATTTGCTTTGATATGGCTTAACTCACTAAGCACCTACTTTAT AGTCATGGCTCGCTGTAGCCGCAAACCCCCAGGCTCAAGTGATCCTCCGGCCTCAGCTTCCCAGAGTGCTGGGATTACAG GTGTGAGCCACTGCCCTGGCACTTTTAAAAACCACTATGTAAGGTCAGGTCCAGTGGCTTCCACACCTGTCATCC CAGTAGTTTGGGAAGCCGAGGCAGAAGGATTGTCTGAGGCCAGGAGTTTGAGACCAGCATGGGTAACATAGGGAGACCCC WO 99/33998

.

5

10

15

PCT/EP98/08216

Die Charakterisierung der Exons zeigte interessanterweise, daß die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebenen, funktionell wichtigen hTC-Protein-Domänen auf separaten Exons angeordnet sind. Das Telomerase-charakteristische T-Motiv befindet sich auf Exon 3. Die für die katalytische Funktion der Telomerase wichtigen RT (Reverse-Transkriptase)-Motive 1-7 liegen auf folgenden Exons: RT Motiv 1 und 2 auf Exon 4, RT Motiv 4 auf Exon 9, RT Motiv 5 auf Exon 10, RT Motiv 6 und 7 auf Exon 11. RT Motiv 3 liegt verteilt auf Exon 5 und 6 vor (s. Fig. 8).

10

15

20

25

30

5

Die Aufklärung der Exon-Intron-Struktur des hTC-Gens zeigt auch, daß die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebenen vier Deletions- bzw. Insertions-Varianten der hTC-cDNA ebenso wie drei weitere, in der Literatur (Kilian et al., 1997) beschriebene hTC-Insertions-Varianten höchstwahrscheinlich alternative Splice-Produkte darstellen. Wie in Fig. 8 gezeigt, lassen sich die Splice Varianten in zwei Gruppen einteilen: Deletionsvarianten und Insertionsvarianten.

Den hTC-Varianten der Deletionsgruppe fehlen spezifische Sequenzabschnitte. Die 36 bp in frame Deletion in Variante DEL1 resultiert höchstwahrscheinlich aus der Benutzung einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz in Exon 6, wodurch ein Teil des RT Motivs 3 verlorengeht. In Variante DEL2 werden die normalen 5'-Splice Donor- und 3'-Splice-Akzeptor Sequenzen von Intron 6, 7 und 8 nicht benutzt. Stattdessen wird Exon 6 direkt an Exon 9 fusioniert, wodurch eine Verschiebung des offenen Leserahmens entsteht und in Exon 10 ein Stopcodon auftritt. Variante Del3 stellt eine Kombination aus Variante 1 und 2 dar.

Die Gruppe der Insertions-Varianten zeichnet sich durch die Insertion von Intronsequenzen aus, die zu vorzeitigen Translationsstop führen. Anstelle der normalerweise benutzten 5'-Splice Donorsequenz von Intron 5 wird eine alternative, 3'-lokalisierte Splicestelle in Variante INS1 benutzt, wodurch eine Insertion der ersten 38 bp aus Intron 4 zwischen Exon 4 und Exon 5 entsteht. Ebenso resultiert die

:

Insertion eines Intron 11-Sequenzbereichs in Variante INS2 aus der Benutzung einer alternativen 5'-Splice Donorsequenz in Intron 11. Da diese Variante in der Literatur (Kilian et al., 1997) nur unzureichend beschrieben wurde, läßt sich die genaue alternative 5'-Splice Donorsequenz dieser Variante nicht bestimmen. Die Insertion von Intron 14 Sequenzen zwischen Exon 14 und Exon 15 in Variante INS3 entsteht durch die Benutzung von einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz, wodurch der 3'-Teil von Intron 14 nicht gesplict wird.

Die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebene hTC-Variante INS4 (Variante 4) zeichnet sich durch den Ersatz von Exon 15 und dem 5'-Teilbereich von Exon 16 durch die ersten 600 bp des Introns 14 aus. Diese Variante ist auf den Gebrauch einer alternativer internen 5'-Splice Donorsequenz in Intron 14 und einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz in Exon 16 zurückzuführen, woraus ein veränderter C-Terminus resultiert.

15

20

10

5

Die *in vivo-*Generation wahrscheinlich nicht-funktioneller hTC-Proteinvarianten, die mit der Funktion des vollständigen hTC-Proteins interferieren könnten, stellt zusätlich zur Transkriptionsregulation einen möglichen Mechanismus dar, um die hTC-Proteinfunktion zu kontrollieren. Bis heute ist die Funktion der hTC-Splicevarianten nicht bekannt. Obwohl die meisten dieser Varianten vermutlich für Proteine ohne Reverse-Transkriptase-Aktivität kodieren, könnten sie dennoch eine entscheidende Rolle als transdominant-negative Telomerase-Regulatoren spielen, indem sie z.B. um die Interaktion mit wichtigen Bindungspartnern kompetieren.

Die Suche nach möglichen Transkriptionsfaktorbindungstellen wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Dadurch wurden verschiedene potentielle Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren in der Nukleotidsequenz von Intron 2 identifiziert, die in der Tab. 2 aufgelistet sind.

Darüberhinaus wurde im Intron 1 eine Sp1-Bindungsstelle (Pos. 43) und im 5'-

untranslatiertem Bereich eine c-Myc-Bindungsstelle (cDNA-Position 29-34, vergl. Fig. 6) gefunden.

Beispiel 6

5

10

15

20

25

30

Um den oder die Startpunkt(e) der hTC-Transkription in HL 60 Zellen zu ermitteln, wurde das 5'-Ende der hTC-mRNA durch Primer-Extension-Analyse bestimmt.

Es wurden 2 μg PolyA⁺-RNA aus HL-60-Zellen für 10 min bei 65°C denaturiert. Zur Primeranlagerung wurden 1 µl RNasin (30-40 U/ml) und 0,3-1 pmol radioaktiv markierter Primer (5'GTTAAGTTGTAGCTTACACTGGTTCTC 3'; 2,5-8x10³ cpm) zugegeben und für 30 min bei 37°C in einem Gesamtvolumen von 20 μl inkubiert. Nach Zugabe von 10 µl 5xReverse Transkriptase-Puffer (Fa. Gibco-BRL), 2 μl 10 mM dNTPs, 2 μl RNasin (s.o.), 5μl 0,1 M DTT (Fa. Gibco-BRL) 2 μl ThermoScript RT (15 U/µl; Fa. Gibco-BRL) und 9 µl DEPC-behandeltes Wasser erfolgte die Primer-Verlängerung in einem Gesamtvolumen für 1 h bei 58°C. Die Reaktion wurde durch 4 µl 0,5 M EDTA, pH 8,0, gestoppt und die RNA nach Zugabe von 1 µl RNaseA (10 mg/ml) für 30 min bei 37°C abgebaut. Hierauf wurden 2,5 μg gescherte Kalbsthymus-DNA und 100 μl TE addiert und einmal mit 150μl Phenol/Cloroform (1:1) extrahiert. Die DNA wurde unter Zusatz von 15 µl 3 M Na-Acetat und 450 µl Ethanol für 45 min bei -70°C gefällt und anschließend für 15 min bei 14000 Upm abzentrifugiert. Das Präzipitat wurde einmal mit 70 %igem Ethanol gewaschen, luftgetrocknet und in 8 µl Sequenzierungs-Stoplösung gelöst. Nach 5 min Denaturierung bei 80°C wurden die Proben auf ein 6 %iges Polyacrylamidgel aufgetragen und elektrophoretisch (Ausubel et al., 1987) aufgetrennt (Fig. 5).

Hierbei wurde eine Haupt-Transkriptionsstartstelle identifiziert, die 1767 bp 5' vom ATG-Startcodon der hTC-cDNA Sequenz lokalisiert ist (Nukleotidposition 3346 in Fig. 4). Die Nukleotidsequenz um diesen Haupttranskriptionsstart (TTA₊₁TTGT) repräsentiert darüberhinaus ein Initiator-Element (Inr), das in 6 von 7 Nukleotiden

mit dem Konsensusmotiv (PyPyA₊₁Na/tPyPy) (Smale, 1997) eines Initiator-Elementes übereinstimmt.

In unmittelbarer Nähe des experimentell identifizierten Haupt-Transkriptionsstartes konnte keine eindeutige TATA-Box identifiziert werden, so daß der hTC-Promoter wahrscheinlich in die Familie der TATA-losen Promotoren (Smale, 1997) einzuordnen ist. Allerdings wurde durch Bioinformatik Analyse eine potentielle TATA-Box von Nukleotidposition 1306 bis 1311 (Fig. 4) gefunden. Die zusätzlich um den Haupt-Transkriptionsstart beobachteten Neben-Transkriptionsstarts wurden auch bei anderen TATA-losen Promotoren beschrieben (Geng and Johnson, 1993), wie z.B. in den stark regulierten Promotoren einiger Zellzyklusgene (Wick et al., 1995).

Beispiel 7

Zusätzlich zu dem in Beispiel 6 beschriebenen, in HL60 Zellen identifizierten Startpunkt des hTC Transkriptes, wurde ein weiterer Transkriptionsstartbereich in HL60 Zellen identifiziert. Anhand von RT-PCR-Analysen wurde die Region des Transkriptionsstarts des hTC-Gens in HL60 Zellen auf die bp -60 bis -105 eingegrenzt.

20

25

30

5

10

15

Unter Einsatz von 0,4 µg Poly A-RNA aus HL60 Zellen (Clontech) und dem genspezifischen Primer GSP13 (5'-CCTCCAAAGAGGTGGCTTCTTCGGC-3', cDNA-Position 920-897) wurde hierfür die cDNA mit Hilfe des "First Strand cDNA-Synthesis Kit" (Clontech) nach Angaben der Hersteller synthetisiert. In einem Endvolumen von 50 µl wurden 1 µl cDNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xPCR-Reaktionspuffer F (PCR-Optimizer Kit der Fa. InVitrogen) und einem Unit Platinum-Taq-DNA Polymerase (Fa. Gibco/BRL) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden jeweils 10 pmol der nachfolgend definierten 5'- und 3'-Primer zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zweiminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 36 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 5 min bei 68°C die Primer

WO 99/33998

angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Insgesamt wurden sechs verschiedene 5'-PCR Primer (Primer HTRT5B: 5'-CGCAGCCACTACCGCGAGGTGC-3', cDNA-Position 105 bis 126; Primer C5S: 5'-CTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGC-Region -49 bis -23; Primer PRO-TEST1: 5'-5'-flankierende CTCGCGGCGCGAGTTTCAGGCAG-3', 5'-flankierende Region -74 bis -52; Primer PRO-TEST2: 5'-CCAGCCCCTCCCCTTCCTTTCC-3', 5'-flankierende Region -112 bis -91; Primer PRO-TEST4: 5'-CCAGCTCCGCCTCCTCCGCGC-3', 5'-flankierende Region -191-171: Primer RP-3A: CTAGGCCGATTCGACCTCTCCC-3', 5'-flankierende Region -427 bis -405) mit dem 3'-PCR Primer C5Rrück (5'-GTCCCAGGGCACGCACACCAG-3', cDNA-Position 245 bis 225) kombiniert. Als Kontrolle wurde zusätzlich zu den Oligo-dTund GSP13-geprimten cDNAs auch genomische DNA für die PCR eingesetzt. Wie in Fig. 9 gezeigt, wurde nur mit den Primerkombinationen HTRT5B-C5Rrück, C5S-C5Rrück und PRO-TEST1-C5Rrück ein PCR-Produkt erhalten, was darauf hinweist, daß der Startpunkt der hTC-Transkription in der Region zwischen bp-60 und bp-105 liegt.

Beispiel 8

20

25

30

5

10

15

In der ca. 11,2 kb isolierten 5'-flankierenden Region des hTC-Gens befinden sich mehrere extrem GC-reiche Bereiche, sog. CpG Islands. Ein CpG Islands mit einem GC-Gehalt von > 70 % reicht von bp – 1214 bis in Intron 2. Zwei weitere GC-reiche Bereiche mit einem GC-Gehalt von > 60 % reichen von bp –3872 bis bp –3113 bzw. bp –5363 bis bp –3941. Die Lage der CpG Islands ist in der Fig. 11 graphisch dargestellt.

Die Suche nach möglichen Transkriptionsfaktorbindungstellen wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Dadurch wurden verschiedene potentielle Bindungsstellen in der Region bis -900 bp upstream vom

Translations-Startcodon ATG indentifiziert: fünf Sp1-Bindungsstellen, eine c-Myc-Bindungsstelle, eine CCAC-Box (Fig. 10). Zusätzlich wurden eine CCAAT-Box und eine zweite c-Myc-Bindungsstelle an den Positionen –1788 bzw. –3995 der 5'-flankierenden Region gefunden.

5

10

15

20

25

30

ţ

Beispiel 9

Um die Aktivität des hTC-Promotors zu analysieren, wurden durch PCR-Amplifikation vier verschieden lange hTC-Promotorsequenzabschnitte generiert und 5' vor das Reportergen Luziferase in den Vektor pGL2 der Fa. Promega kloniert. Als DNA-Quelle für die PCR-Amplifikation wurde das aus dem Phagenklon P12 subklonierte, 8,5 kb große SacI-Fragment gewählt. In einem Endvolumen von 50 µl wurden 35 ng dieser DNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xPCR-Reaktionspuffer (PCR-Optimizer Kit der Fa. InVitrogen) und einem Unit Platinum-Taq-DNA Polymerase (Fa. Gibco/BRL) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden jeweils 20 pmol der nachfolgend definierten 5'- und 3'-Primer zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zweiminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 30 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 5 min bei 68°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Als 3'-PCR-Primer wurde jeweils der Primer PK-3A (5'-GCAAGCTTGACGCAGCGCTGCCTGAAACTCG-3', Position -43 bis -65) gewählt, der einen Sequenzbereich 42 bp upstream vom START-Codon ATG erkennt. Durch Kombination des PK-3A-Primers mit dem 5'-PCR-Primer PK-5B (5'-CCAGATCTCTGGAACACAGAGTGGCAGTTTCC-3', Position -4093 bis -4070) Die wurde ein 4051 bp großes Promotor-Fragment amplifiziert (NPK8). PK-5C (5'und PK-3A Kombination des Primerpaares CCAGATCTGCATGAAGTGTGTGGGGGATTTGCAG-3', Position -3120 bis-3096) führte zur Amplifikation eines 3078 bp großen Promotorfragmentes (NPK15). Ein 2068 bp großes Promotorfragment wurde durch die Verwendung der Primer-PK-5D (5'kombination PK-3A und

GGAGATCTGATCTTGGCTTACTGCAGCCTCTG-3', Position –2110 bis -2087) amplifziert (NPK22). Der Einsatz der Primerkombination PK-3A und PK-5E (5'-GGAGATCTGTCTGGATTCCTGGGAAGTCCTCA-3', Position –1125 bis -1102) führte schließlich zur Amplifikation eines 1083 bp großen Promotorfragmentes (NPK27). Der PK-3A Primer enthält eine HindIII Erkennungssequenz. Die verschiedenen 5'-Primer enthalten eine BglII-Erkennungssequenz.

Die entstandenen PCR-Produkte wurden mit Hilfe des QIA quick spin PCR Purification Kits der Fa. Qiagen nach Angaben der Hersteller aufgereinigt und anschließend mit den Restriktionsenzymen BglII und HindIII verdaut. Mit den gleichen Restriktionsenzymen wurde der pGL2-Promotor-Vektor verdaut und der in diesem Vektor enthaltene SV40-Promotor freigesetzt und abgetrennt. Die PCR-Promotorfragmente wurden in den Vektor ligiert, in kompetente DH5α-Bakterien der Fa. Gibco/BRL transformiert. Aus transformierten Bakterienklonen wurde DNA für die nachfolgend beschriebenen Promotor-Aktivitäts-Analysen mit Hilfe des Qiagen Plasmid-Kits der Fa. Qiagen isoliert.

Beispiel 10

:

Die Aktivität des hTC-Promotors wurde in transienten Transfektionen in eukaryotischen Zellen analysiert.

Alle Arbeiten mit eukaryotischen Zellen erfolgten an einem sterilen Arbeitsplatz. CHO-K1 und HEK 293 Zellen wurden von der American Type Culture collection bezogen.

CHO-K1 Zellen wurden in DMEM Nut Mix F-12 Zellkulturmedium (Fa. Gibco-BRL, Bestellnummer: 21331-020) mit 0,15 % Streptomycin/Penezillin, 2 mM Glutamin und 10 % FCS (Fa. Gibco-BRL) gehalten.

25

5

10

20

25

4

HEK 293 Zellen wurden in DMOD Zellkulturmedium (Fa. Gibco-BRL, Bestellnummer: 41965-039) mit 0,15 % Streptomycin/Penizillin, 2 mM Glutamin und 10 % FCS (Fa. Gibco-BRL) kultiviert.

5 CHO-K1 und HEK 293 Zellen wurden in wasssergesättigter Atmosphäre bei 37°C unter Begasung mit 5 % CO₂ kultiviert. Bei konfluentem Zellrasen wurde das Medium abgesaugt, die Zellen mit PBS (100 mM KH₂PO₄ pH 7,2; 150 mM NaCl) gewaschen und durch Zugabe einer Trypsin-EDTA Lösung (Fa. Gibco-BRL) abgelöst. Das Trypsin wurde durch Mediumzugabe inaktiviert und die Zellzahl mit einer Neubauer-Zählkammer ermittelt, um die Zellen in gewünschter Dichte auszuplattieren.

Für die Transfektion wurden pro Well jeweils 2x 10⁵ -HEK 293 Zellen in einer 24well Zellkulturplatte ausplattiert. Nach 3 Stunden wurde das HEK 293 Medium entfernt. Für die Transfektion wurden bis zu 2,5 µg Plasmid-DNA, 1 µg eines CMV β-Gal Plasmidkonstruktes (Fa. Stratagene, Bestellnummer: 200388), 200 μl serumfreies Medium und 10 µl Transfektionsreagenz (DOTAP der Fa. Boehringer Mannheim) für 15 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend auf die HEK 293 Zellen gleichmäßig aufgetropft. Nach 3 Stunden wurden 1,5 ml Medium hinzugegeben. Nach 20 Stunden wurde das Medium gewechselt. Nach weiteren 24 Stunden wurden die Zellen zur Bestimmung der Luziferase- und der ß-Gal-Aktivität geerntet. Dazu wurden die Zellen im Zellkultur-Lysisreagenz (25 mM Tris [pH 7,8] mit H₃PO₄; 2 mM CDTA; 2 mM DTT; 10% Glycerol; 1% Triton X-100) für 15 Minuten bei Raumtemperatur lysiert. Zwanzig µl dieses Zellysats wurden mit 100 µl Luziferase-Assaypuffer (20 mM Tricin; 1,07 mM (MgCO₃)₄ Mg(OH)₂·5H₂O; 2,67 mM MgSO₄; 0,1 mM EDTA; 33,3 mM DTT; 270 μM Coenzym A; 470 μM Luciferin, 530 µM ATP) gemischt und das durch die Luziferase generierte Licht gemessen.

Zur Messung der β-Galaktosidaseaktivität wurden gleiche Mengen Zellysat und β-Galaktosidase-Assaypuffer (100 mM Natriumphosphatpuffer pH 7,3; 1 mM MgCl₂;

15

:

50 mM β-Merkaptoethanol; 0,665 mg/ml ONPG) für mindestens 30 Minuten bei 37°C oder bis eine leichte Gelbfärbung auftrat, inkubiert. Die Reaktion wurde durch Zugabe von 100 μl 1 M Na₂CO₃ gestoppt und die Absorption bei 420 nm bestimmt.

Für die Analyse des hTC-Promotors wurden vier verschieden lange hTC-Promotorsequenzabschnitte 5' vor das Reportergen Luziferase kloniert (vergl. Beispiel 9).

In der Fig. 11 sind die relativen Luziferase Aktivitäten zweier unabhängiger Transfektionen mit den Konstrukten NPK8, NPK15, NPK22 und NPK27 in HEK 293 Zellen aufgetragen. Jedes Experiment wurde in Duplikaten durchgeführt. Darüberhinaus wurde die Standardabweichung angegeben. Das Konstukt NPK 27 zeigt eine 40fach höhere Luziferaseaktivität als die Basalaktivität des promotorlosen Luziferase-Kontrollkonstrutes (pGL2-basic) und eine 2 bis 3fach höhere Aktivität als das SV40 Promotorkontroll-Konstrukt (pGL2PRO). Interessanterweise wurde im Vergleich zu dem Konstrukt NPK27 eine 2 bis 3fach geringere Luziferaseaktivität in mit längeren hTC Promotorkonstukten (NPK8, NPK15, NPK22) transfizierten Zellen beobachtet. Ähnliche Ergebnisse wurden auch in CHO Zellen beobachtet (Daten nicht gezeigt).

10

20

25

30

35

Literaturvereichnis

:

Allsopp, R. C., Vazire, H., Pattersson, C., Goldstein, S., Younglai, E.V., Futcher, A.B., Greider, C.W. und Harley, C.B. (1992). Telomere length predicts replicative capacity of human fibroblasts. Proc. Natl. Acad. Sci. 89, 10114-10118.

Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K. (1987). Current protocols in molecular biology. Greene Publishing Associates and Whiley-Intersciences, New York.

Blasco, M. A., Rizen, M., Greider, C. W. und Hanahan, D. (1996). Differential regulation of telomerase activity and telomerase RNA during multistage tumorigenesis. Nature Genetics 12, 200-204.

Broccoli, D., Young, J. W. und deLange, T. (1995). Telomerase activity in normal and malignant hematopoietic cells. Proc. Natl. Acad. Sci. 92, 9082-9086.

Counter, C. M., Avilion, A. A., LeFeuvre, C. E., Stewart, N. G. Greider, C.W. Harley, C. B. und Bacchetti S. (1992). Telomere shortening associated with chromosome instability is arrested in immortal cells which express telomerase activity. EMBO J. 11, 1921-1929.

Feng, J., Funk, W. D., Wang, S.-S., Weinrich, S. L., Avilion, A.A., Chiu, C.-P., Adams, R.R., Chang, E., Altsopp, R.C., Yu, J., Le, S., West, M.D., Harley, C.B., Andrews, W.H., Greider, C.W. und Villeponteau, B. (1995). The RNA component of human telomerase. Science 269, 1236-1241.

Geng, Y., and Johnson, L.F. (1993). Lack of an initiator element is responsible for multiple transcriptional initiation sites of the TATA less mouse thymidine synthasse promoter. Mol. Cell. Biol 14:4894.

Goldstein, S. (1990). Replicative senescence: The human fibroblast comes of age. Science 249, 1129-1133.

Harley, C.B., Futcher, A.B., Greider, C.W., 1990. Telomeres shorten during ageing of human fibroblasts. Nature 345, 458-460.

- Hastie, N. D., Dempster, M., Dunlop, M. G., Thompson, A. M., Green, D.K. und Allshire, R.C. (1990). Telomere reduction in human colorectal carcinoma and with ageing. Nature 346, 866-868.
- Hiyama, K., Hirai, Y., Kyoizumi, S., Akiyama, M., Hiyama, E., Piatyszek, M.A., Shay, J.W., Ishioka, S. und Yamakido, M. (1995). Activation of telomerase in human lymphocytes and hematopoietic progenitor cells. J. Immunol. 155, 3711-3715.
- Kim, N.W., Piatyszek, M.A., Prowse, K.R., Harley, C. B., West, M.D., Ho, P.L.C., Coviello, G.M., Wright, W.E., Weinrich, S.L. und Shay, J.W. (1994). Specific association of human telomerase activity with immortal cells and cancer. Science 266, 2011-2015.
 - Latchman, D.S. (1991). Eukaryotic transcription factors. Academic Press Limited, London.
- Lingner, J., Hughes, T.R., Shevchenko, A., Mann, M., Lundblad, V. und Cech T.R. (1997).
 Reverse transcriptase motifs in the catalytic subunit of telomerase. Science 276: 561-567.
 - Lundblad, V. und Szostak, J. W. (1989). A mutant with a defect in telomere elongation leads to senescence in yeast. Cell 57, 633-643.
 - McClintock, B. (1941). The stability of broken ends of chromosomes in *Zea mays*. Genetics 26, 234-282.
- Meyne, J., Ratliff, R. L. und Moyzis, R. K. (1989). Conservation of the human telomere sequence (TTAGGG)_n among vertebrates. Proc. Natl. Acad. Sci. 86, 7049-7053.
 - Olovnikov, A. M. (1973). A theory of marginotomy. J. Theor. Biol. 41, 181-190.
- Sandell, L. L. und Zakian, V. A. (1993). Loss of a yeast telomere: Arrest, recovery and chromosome loss. Cell 75, 729-739.
 - Shapiro, M.B., Senapathy, P., 1987. RNA splice junctions of different classes of eukaryotes: sequence statistics and functional implications in gene expression. Nucl. Acids Res. 15, 7155-7174.
- Smale, S.T. and Baltimore, D. (1989). The "initiator" as a transcription control element. Cell 57:103-113.

Smale, S.T. (1997). Transcription initation from TATA-less promoters within eukaryotic protein-coding genes. Biochimica et Biophysica Acta 1351, 73-88.

Shay, J. W. (1997). Telomerae and Cancer. Ciba Foundation Meeting: Telomeres and Telomerase. London.

Vaziri, H., Dragowska, W., Allsopp, R. C., Thomas, T. E., Harley, C.B. und Landsdorp, P.M. (1994). Evidence for a mitotic clock in human hematopoietic stem cells: Loss of telomeric DNA with age. Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 9857-9860.

Wick, M., Härönen, R., Mumberg, D., Bürger, C., Olsen, B.R., Budarf, M.L., Apte, S. S. and Müller, R. (1995). Structure of the human TIMP-3 gene and its cell-cycle-regulated promoter. Biochemical Jornal 311, 549-554.

15

10

Zakian, V. A. (1995). Telomeres: Beginning to understand the end. Science 270, 1601-1607.

Patentansprüche

:

 Regulatorische DNA-Sequenzen für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit.

5

 DNA-Sequenzen gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um Intronsequenzen gemäß SEQ ID NO 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 und/oder 20 oder um regulatorisch wirksame Fragmente dieser Sequenzen handelt.

10

3. DNA-Sequenzen gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit gemäß Fig. 10 (SEQ ID NO 3) oder um regulatorisch wirksame Fragmente dieser DNA-Sequenz handelt.

15

4. Rekombinantes Konstrukt, enthaltend eine DNA-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3.

- Rekombinantes Konstrukt gemäß Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß
 es weiterhin eine oder mehrere DNA-Sequenzen enthält, die für Polypeptide
 oder Proteine kodieren.
- 6. Vektor, enthaltend ein rekombinantes Konstrukt gemäß Anspruch 4 oder 5.
- 25
- 7. Verwendung von rekombinanten Konstrukten bzw. Vektoren gemäß einem der Ansprüche 4 bis 6 zur Herstellung von Arzneimitteln.
 - Rekombinante Wirtszellen, enthaltend rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren gemäß einem der Ansprüche 4 bis 6.

:

- 9. Verfahren zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silenceroder Enhanceraktivität der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit beeinflussen, das folgende Schritte umfaßt:
- 5 A. Zugabe einer Kandidatensubstanz zu einer Wirtszelle, enthaltend DNA-Sequenzen gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, funktionell verknüpft mit einem Reportergen,
 - B. Messung des Substanzeffektes auf die Reportergenexpression.

10

15

- 10. Verfahren zur Identifizierung von Faktoren, die spezifisch an die DNA gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3 oder an Fragmente davon binden, dadurch gekennzeichnet, daß man eine Expressions-cDNA-Bibliothek mit einer DNA-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3 oder Teilfragmenten unterschiedlichster Länge als Sonde screent.
- 11. Transgene Tiere, enthaltend rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren gemäß Ansprüchen 4 bis 6.
- 20 12. Verfahren zur Detektion Telomerase-assoziierter Zustände bei einem Patienten, das folgende Schritte umfaßt:
 - A. Inkubation eines rekombinanten Konstruktes bzw. Vektors gemäß Ansprüchen 4 bis 6 das bzw. der zusätzlich ein Reportergen enthält mit Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben,
 - Detektion der Reportergenaktivität, um einen diagnostischen Wert zu erhalten,

C. Vergleich des diagnostischen Wertes mit Standardwerten für das Reportergenkonstrukt in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe.

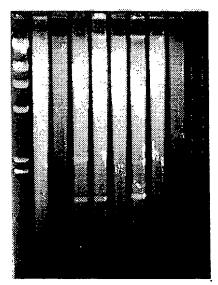
WO 99/33998 PCT/EP98/08216

1 / 15

Fig. 1

A B

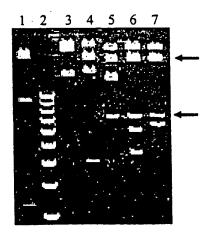
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



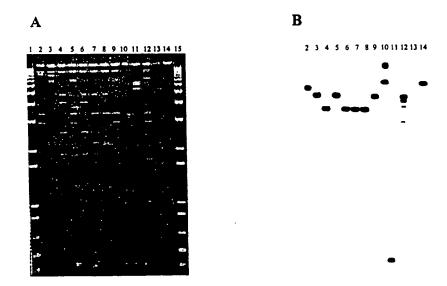
Fig. 2



WO 99/33998 PCT/EP98/08216

3 / 15

Fig. 3



4 / 15

Fig. 4 :

J							
GAGCTCTGAA	CCGTGGAAAC	GAACATGACC	CTTGCCTGCC	TGCTTCCCTG	GGTGGGTCAA	GGGTAATGAA	70
GTGGTGTGCA	GGAAATGGCC	ATGTAAATTA	CACGACTCTG	CTGATGGGGA	CCGTTCCTTC	CATCATTATT	140
	CCCAAGGACT						210
	ACTCTTTTAC						280
	GCTTTCAGCC						350
	CAGGCACTCC						420
	CTGGGGTGCC						490 560
	TTCCTAAACC						630
	GAGGAGATTC						700
	CCTGGCGTCC						770
	CCGGTGTGTT						840
	GGGGTTTTTA						910
CATTTGGGTG	TGAAAGTAGG	AGTGCCTGTC	CTCACCTAGG	TCCACGGGCA	CAGGCCTGGG	GATGGAGCCC	980
CCGCCAGGGA	CCCGCCCTTC	TCTGCCCAGC	ACTITCCTGC	CCCCCTCCCT	CTGGAACACA	GAGTGGCAGT	1050
	ACTAAGCATC						
	CACGTGACTA						
	CAAAGCAGGG						
	GGACAGTTCC						
	GAGTCAAAAC						
	AGGGGAGTGG AAGCCAGTTT		*				
	GGAACCCGGA						
	ACGTCCTGAT						
	TGAGGACCCT						
	AGAGGCGGGC						
	GGAGGGAGGG						
GGGACCCTCC	ACGGAGCCTG	CAGCAGGAAG	GCACGGCTGG	CCCTTAGCCC	ACCAGGGCCC	ATCGTGGACC	1960
TCCGGCCTCC	GTGCCATAGG	AGGGCACTCG	CGCTGCCCTT	CTAGCATGAA	GTGTGTGGGG	ATTTGCAGAA	2030
GCAACAGGAA	ACCCATGCAC	TGTGAATCTA	GGATTATTTC	AAAACAAAGG	TTTACAGAAA	CATCCAAGGA	2100
	GTGCCTCCGG						
	CTGAGACAGA						
	CGTCTCCTGG						
	ACACCCGGCT						
	CTGACCTCAG						
	GGCCTATTIA AATTTCCCCT						
	: CGTCTCTTGA						
	GAGGCTGCAG						
	AAGTGTGGAC						
	CTCCTACTCT						
	TGGAGGAAGG						
TGTTGGTTTG	TITGITITGI	TTTGAGAGGC	GGTTTCACTC	TTGTTGCTCA	GCTGGAGGG	AGTGCAATGG	3010
	GCTTACTGCA						
	CAGGCACCCG						
	ATGTTGGCCA						
	GATTACAGGT						
	GAAGCTCACO CTCTTGATGI						
	ATACTGGGGT						
	GGTGTTAATT						
	ATCITCCCT						
	GCCCCTTTGC						
	GGATTTCTAG						
GAGCGTGAC	A GCCCAGGGAG	GCTGCGAGGG	CTGTTCAAA	GCTAGCTCC	TAAATAAAGO	AATTTCCTCC	3850
	gaaagtaggi						
	ATCCCTGCAI						
	CTGGATTCC						
	CCGTGTGGC						
	GCCTGGACCC						
	G ACAGAGTGCO A GCGCCTGGCO						
	G TTTGCTCAT						
	G CCCAAGTCG						
	C GTCCTCGGG						
	C CCGGAGCCC						
GCGGCCAAA	G GGTCGCCGC	A CGCACCTGT	CCCAGGGCC	CCACATCAT	G GCCCCTCCC	CGGGTTACC	4690

5 / 15

Fig. 4 (Fortsetzung)

CACAGCCTAG	GCCGATTCGA	CCTCTCTCCG	CTGGGGCCCT	CGCTGGCGTC	CCTGCACCCT	GGGAGCGCGA	4760
GCGGCGCGCG	GGCGGGGAAG	CGCGGCCCAG	ACCCCCGGGT	CCGCCCGGAG	CAGCTGCGCT	GTCGGGGCCA	4830
GCCCGGCTC	CCAGTGGATT	CGCGGGCACA	GACGCCCAGG	ACCGCGCTCC	CCACGTGGCG	CAGGGACTGG	4900
GGACCCGGGC	ACCCGTCCTG	CCCCTTCACC	TTCCAGCTCC	GCCTCCTCCG	CGCGGACCCC	GCCCCGTCCC	4970
GACCCCTCCC	GGGTCCCCGG	CCCAGCCCCC	TCCGGGCCCT	CCCAGCCCCT	CCCCTTCCTT	TCCGCGGCCC	5040
CGCCCTCTCC	TCGCGGCGCG	AGTTTCAGGC	AGCGCTGCGT	CCTGCTGCGC	ACCTCCCAAC	CCCTGGCCCC	5110
GGCCACCCC	GCGATG						5126

Fig. 5

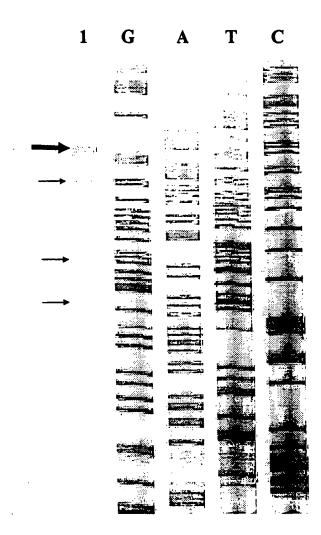
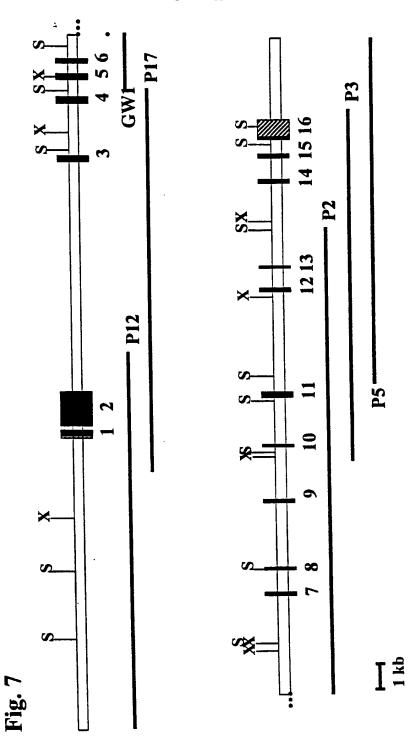
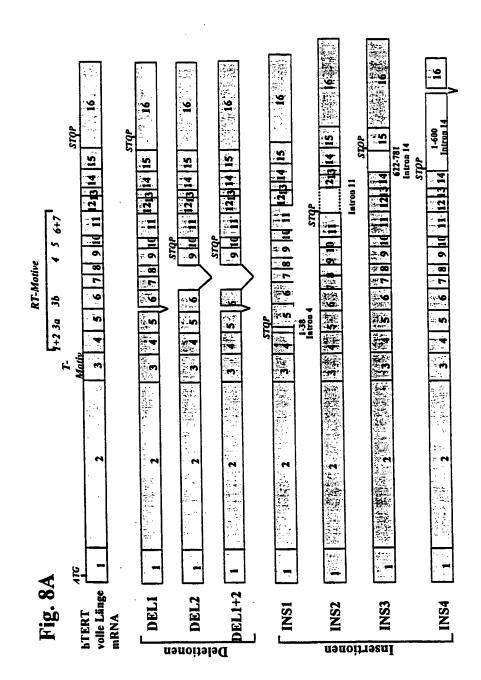


Fig. 6 ...

					GCCACCCCC		70
					AGGTGCTGCC		140
TTCGTGCGGC	GCCTGGGGCC	CCAGGGCTGG	CGGCTGGTGC	AGCGCGGGGA	CCCGGCGGCT	TTCCGCGCGC	210
TGGTGGCCCA	GTGCCTGGTG	TGCGTGCCCT	GGCACGCACG	GCCGCCCCC	GCCGCCCCCT	CCTTCCGCCA	280
GGTGTCCTGC	CTGAAGGAGC	TGGTGGCCCG	AGTGCTGCAG	AGGCTGTGCG	AGCGCGGCGC	GAAGAACGTG	350
					GGCCTTCACC		420
					TGGGGGCTGC		490
					TGCTGGTGGC		560
					GCCCGGCCC		630
CTAGTGGACC	CCGAAGGCGT	CTGGGATGCG	AACGGGCCTG	GAACCATAGC	GTCAGGGAGG	CCGCGGTCCC	700
					GAAGTCTGCC		770
					GGGGTCCTGG		840
GCAGGACGCG	TGGACCGAGT	GACCGTGGTT	TCTGTGTGGT	GTCACCTGCC	AGACCCGCCG	AAGAAGCCAC	910
CTCTTTGGAG	CCTCCCCTCT	CTGGCACGCG	CCACTCCCAC	CCATCCGTGG	GCCGCCAGCA	CCACGCGGGC	980
					GGTGTACGCC		1050
					CTCAGCTCTC		
					CCTGGATGCC		
					TCTGGAGCTG		
					GCTGCGGTCA		
					AGGAGGACAC		
CCCCTCCTCC	AGCTGCTCCG	CCAGCACAGC	AGCCCCTGGC	AGGTGTACGG	CTTCGTGCGG	GCCTGCCTGC	1470
GCCGGCTGGT	GCCCCCAGGC	CTCTGGGGCT	CCAGGCACAA	CGAACGCCGC	TTCCTCAGGA	ACACCAAGAA	1540
GTTCATCTCC	CTGGGGAAGC	ATGCCAAGCT	CTCGCTGCAG	GAGCTGACGT	GGAAGATGAG	CGTGCGGGAC	1610
TECECTTEEC	TGCGCAGGAG	CCCAGGGGTT	GGCTGTGTTC	CCCCCCACA	GCACCGTCTG	CGTGAGGAGA	1680
TCCTGGCCAA	GTTCCTGCAC	TGGCTGATGA	GTGTGTACGT	CGTCGAGCTG	CTCAGGTCTT	TCTTTTATGT	1750
CACGGAGACC	ACGTTTCAAA	AGRACAGGET	CTTTTTCTAC	CGGAAGAGTG	TCTGGAGCAA	GTTGCAAAGC	1820
ATTGGAATCA	CACACCACTT	GAAGAGGGTG	CACCTGCGGG	AGCTGTCGGA	AGCAGAGGTC	AGGCAGCATC	1890
					CCTGACGGGC		
					GGGCCGAGCG		
AGGGTGAAGG	CACTGTTCAG	CGTGCTCAAC	TACGAGCGGG	CGCGGCGCCC	CGGCCTCCTG	GCCCCCTCTG	2100
TGCTGGGCCT	GGACGATATC	CACAGGGCCT	GGCGCACCTT	CGTGCTGCGT	GTGCGGGCCC	AGGACCCGCC	2170
GCCTGAGCTG	TACTTTGTCA	AGGTGGATGT	GACGGGGGGGG	TACGACACCA	TCCCCCAGGA	CAGGCTCACG	2240
GAGGTCATCG	CCAGCATCAT	CAAACCCCAG	AACACGTACT	GCGTGCGTCG	GTATGCCGTG	GTCCAGAAGG	2310
CCGCCCATGG	GCACGTCCGC	AAGGCCTTCA	AGAGCCACGT	CTCTACCTTG	ACAGACCTCC	AGCCGTACAT	2380
GCGACAGTTC	GTGGCTCACC	TGCAGGAGAC	CAGCCCGCTG	AGGGATGCCG	TCGTCATCGA	GCAGAGCTCC	2450
TCCCTGAATG	AGGCCAGCAG	TEGECTETTE	GACGTCTTCC	TACGCTTCAT	GTGCCACCAC	GCCGTGCGCA	2520
TCAGGGGCAA	GTCCTACGTC	CAGTGCCAGG	GGATCCCGCA	GGGCTCCATC	CTCTCCACGC	TGCTCTGCAG	2590
CCTGTGCTAC	GCCGACATGG	AGAACAAGCT	GTTTGCGGGG	ATTCGGCGGG	ACGGGCTGCT	CCTGCGTTTG	2660
GTGGATGATT	TCTTGTTGGT	GACACCTCAC	CTCACCCACG	CGAAAACCTT	CCTCAGGACC	CTGGTCCGAG	2730
GTGTCCCTGA	GTATGGCTGC	GTGGTGAACT	TGCGGAAGAC	AGTGGTGAAC	TTCCCTGTAG	AAGACGAGGC	2800
CCTGGGTGGC	ACGGCTTTTG	TTCAGATGCC	GCCCACGGC	CTATTCCCCT	GCTGCGGCCT	CCTCCTCGAT	2870
ACCCGGACCC	TGGAGGTGCA	GAGCGACTAC	TCCAGCTATG	CCCGGACCTC	CATCAGAGCC	AGTCTCACCT	2940
					GTCTTGCGGC		
CAGCCTGTTT	CIGGATITGO	AGGTGAACAG	CCTCCAGACG	GTGTGCACCA	. ACATCTACAA	GATCCTCCTG	3080
CTGCAGGCGI	ACAGGITTCA	CGCATGTGTG	CTGCAGCTCC	CATTTCATCA	GCAAGTTTGG	ANGANCCCCA	3150
CATTTTTCCT	GCGCGTCATC	: TCTGACACGG	CCTCCCTCTG	CTACTCCATC	CTGAAAGCCA	AGAACGCAGG	3220
CATCTCCCTC	GGGGCCAAGG	CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC	CCCTCTGCCC	: TCCGAGGCCG	TGCAGTGGCT	GTGCCACCAA	3290
GCATTCCTG	: TCAAGCTGAC	: TCGACACCGT	GTCACCTACG	; TGCCACTCCT	GGGGTCACTO	AGGACAGCCC	3360
AGACGCAGC?	GAGTCGGAAG	CTCCCGGGG	CGACGCTGAC	TGCCCTGGAG	GCCGCAGCCA	ACCCGGCACT	3430
GCCCTCAGA	TTCAAGACC	L TCCTGGACTO	ATGGCCACCO	GCCCACAGCC	AGGCCGAGAG	CAGACACCAG	3500
CAGCCCTGTC	: ACGCCGGGC	CTACGTCCC	CGGAGGGAGG	GGCGGCCCAC	ACCCAGGCCC	GCACCGCTGG	3570
GAGTCTGAG	CCTGAGTGAG	TGTTTGGCCG	AGGCCTGCA	GICCGGCTG	AGGCTGAGTG	TECGGETGAG	3540
GCCTGAGCGI	A GTGTCCAGC	AAGGGCTGAG	TGTCCAGCAG	ACCTGCCGT	TTCACTTCC	CACAGGGTGG	3710
CGCTCGGCT	CACCCCAGG	CCAGCTTTT	CTCACCAGG	GCCCGGCTTC	CACTCCCCAC	, ATAGGAATAG	3050
TCCATCCCC	A GATTCGCCA	TGTTCACCC	TCGCCCTGC	CICCITICC	TTCCACCCC	, ACCATCLAGG	3030
TEGRGACCC	r GAGAAGGAC(CTGGGAGCT	TGGGAATTT	. GRUTGACCA	AGGTGTGCCC	. IGIALALAGG	3920
	r gereetger: 3 agttttter:						4042
LONALALAT	- MULTITUAL	- 1111WARA					

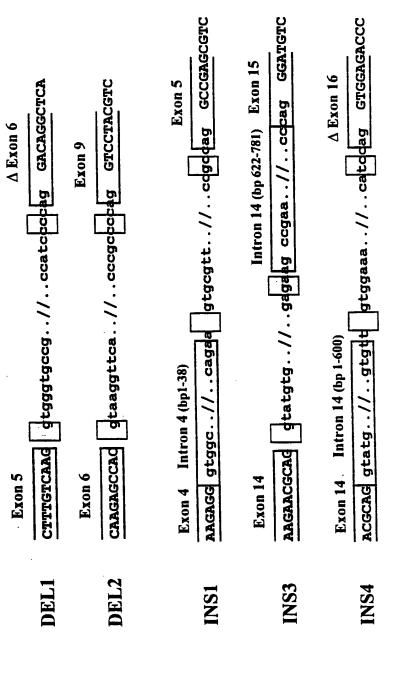


ERSATZBLATT (REGEL 26)

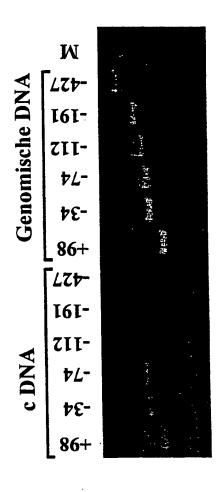


ERSATZBLATT (REGEL 26)

Fig. 8B



ERSATZBLATT (REGEL 26)



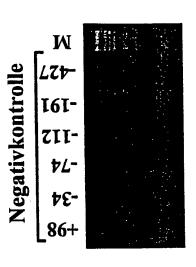


Fig. 9

ERSATZBLATT (REGEL 26)

Fig. 10

						TGGTGACAGA -11204
ATGAGACCCT	GTCTCAAAAA	AAAAAAAAA	AATTGAAATA	ATATAAAGCA	TCTTCTCTGG	CCACAGTGGA -11134
ACAAAACCAG	AAATCAACAA	CAAGAGGAAT	TTTGAAAACT	ATACAAACAC	ATGAAAATTA	AACAATATAC -11064
						CAAATGATAA -10994
						TATAGCTATA -10924
						ACTTTGGGAG -10854
						AACCTTGTCG -10784
						GGAGGCTGAG -10714
						GACTCCAGCC -10644
						ACAACCTAAT -10574
						AGAAATAATA -10504
						AAAGTTGGTT -10434
						ACCTAAATAA -10364
						CTAGAGGCTA -10294
						TGCATACAAC -10224
						TTAAAGCCAT -10154
						CCAATCATTT -10084
						CCAAACTCAT -10014
						AACAAAAAA -9944
						CAAAACACTA -9874
						CCAGGGATGG -9804
						ACAAAAACTA -9734
						AAAACCCTCA -9664
						GCACTCTGGG -9594
						GAGACCTGGT -9524
						TAGTCTGGAG -9454
						TCACTGTACT -9384
						AGGGAGGGAG -9314
						GAGGAAGAAG -9244
						AAAAACTGAA -9174
						TAGTACTAGA -9104
						AGAAGTCAAA -9034 AACTATTAGA -8964
						TTCCAACAGC -8894
						AACCAAAGAA -8824
						AAAAAAGAAA -8754
						AGCAATTTAC -8684
						ATTCTAAGAT -8614
						CTGGAAGCAT -8544
						GCATAAAAAC -8474
						AGTGAACTCA -8404
						GCTGGAGGAA -8334
						AAATCAAAAT -8264
						AAACTCTCCA -8194
						AAAAACAGAC -8124
AAATGGGATC	ATATCAAGTT	AAAAAGCTTC	TGCCCAGCAA	AGGAAACAAT	CAACAAAGAG	AAGAGACAAC -8054
CCACAGAATG	GGAGAATATA	TTTGCAAACT	ATTCATCTAA	CAAGGAATTA	ATAACCAGTA	TATATAAGGA -7984
GCTCAAACTA	CTCTATAAGA	AAAACACCTA	ATAAGCTGAT	TTTCAAAAAT	AAGCAAAAGA	TCTGGGTAGA -7914
						CTGATCATCA -7844
						TTCAAAAGAC -7774
						GGAATGGAAA -7704
						TACAGCAATC -7634
CCATTGCTAG	GTATATACTC	CAAAAAAGGG	AATCAGTGTA	TCAACAAGCT	ATCTCCACTC	CCACATTTAC -7564
						ATGGAAAAAG -7494
						TCAGTTGCAA -7424
						TTTTCATGTT -7354
						GTTCTAGAGG -7284
						AGAGTATAAT -7214
						CCTGATGTGA -7144
						CTATATTAAA -7074
						GCCGAGGCGG -7004
						CTACTAAAGA -6934
						GACAGGAGAA -6864
						CTGGGTGACA -6794
						GTACCGTATA -6724 ACTTAATCTA -6654
						TGGCAGAAAT -6584
· a a · · · · · · · · · · · · ·	- midinidio	GGGIIICIAC	CITCIGNAGE	- AGIAMMAGI	. ALGGERAGE	* ************************************

Fig. 10

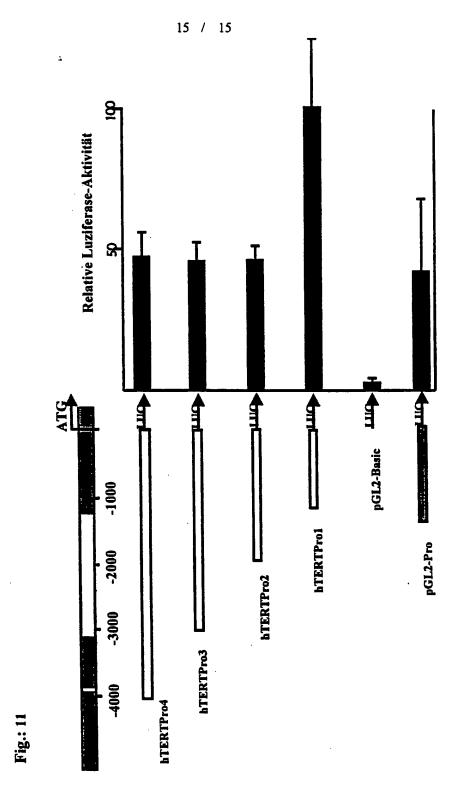
						AATTTTAACC -6514
						IGGTGAAAGG -6444
						CGTCTGATCA -6374
						TTCGTGTTTG -6304
						TTAGAGTACC -6234
						AAGACCCAGG -6164
						AAGCCTGCCT -6094
						CATCTGGAAA -6024
						ATGGCGCCCA -5954
						TTTCACCTGA -5884
						AGTCATGGAA -5814
						CCCTCTCTTG -5744
CCCTCGCGGT	TTCTGATCGG	GACAGAGTGA	CCCCCGTGGA	GCTTCTCCGA	GCCCGTGCTG	AGGACCCTCT -5674
						AACTGGGATG -5604
						CTTTCCACAT -5534
						CTGCAGAAAT -5464
						GTTCAGAGGG -5394
						GTACACGAGG -5324
						TGGGAGGCTG -5254
						CACGCTGCGT -5184
						AGCTCTGAAC -5114
						GTGGTGTGCA -5044
						CATCTTCACC -4974
						TACAAACACC -4904
						AGATGAGGCT -4834
						TAGACCCTGG -4764
						GAGACTCAGC -4694
						CTCCAGCAGC -4624
						TGTCTCAGCG -4554
						GCGTTGAAGG -4484
						GATGCAGGTT -4414
						CCGGGGCCTG -4344
						CTAGGGTCTC -4274
GGGGTTTTTA	TAGGCATAGG	ACGGGGGCGT	GGTGGGCCAG	GGCGCTCTTG	GGAAATGCAA	CATTTGGGTG -4204
TGAAAGTAGG	AGTGCCTGTC	CTCACCTAGG	TCCACGGGCA	CAGGCCTGGG	GATGGAGCCC	CCGCCAGGGA -4134
CCCGCCCTTC	TCTGCCCAGC	ACTTTCCTGC	CCCCCTCCCT	CTGGAACACA	GAGTGGCAGT	TTCCACAAGC -4064
ACTAAGCATC	CTCTTCCCAA	AAGACCCAGC	ATTGGCACCC	CTGGACATTT	GCCCCACAGC	CCTGGGAATT -3994
c-Mvc						mmaama
CACGTGACTA	CGCACATCAT	GTACACACTC	CCGTCCACGA	CCGACCCCCG	CTGTTTTATT	TTAATAGCTA -3924
						TCCGCACGGT -3854
GGACAGTTCC	TCACAGTGAA	GAGGAACATG	CCGTTTATAA	AGCCTGCAGG	CATCTCAAGG	GAATTACGCT -3784
						ACCCCATGGC -3714
						CCTTTTACTA -3644
AAGCCAGTTI	CCTGGTTCTG	ATGGTATTGG	CTCAGTTATG	GGAGACTAAC	CATAGGGGAG	TGGGGATGGG -3574
GGAACCCGGA	GGCTGTGCCA	TCTTTGCCAT	GCCCGAGTGT	CCTGGGCAGG	ATAATGCTCT	AGAGATGCCC -3504
ACGTCCTGAT	TCCCCCAAAC	CTGTGGACAG	AACCCGCCCG	GCCCCAGGGC	CTTTGCAGGT	GTGATCTCCG -3434
TGAGGACCCT	GAGGTCTGGG	ATCCTTCGGG	ACTACCTGCA	GGCCCGAAAA	GTAATCCAGG	GGTTCTGGGA -3364
						GGCTGAAAAG -3294 GGGACCCTCC -3224
DOUADOUADO	CUTCGAGCCC	AGGCCTGCAA	GCGCCTCCAC	AAGCIGGAAA	ANGCOGGAN	macacacacaca =3154
ACGGAGCCTC	CAGCAGGAAG	GCACGGCTGG	CCCTTAGCCC	ACCAGGGCCC	ATCGIGGACC	TCCGGCCTCC -3154
O I GCCATAGO	MOGGCACTCG	CCAPESEE	CIAGCATGA	. GIGIGIGGG	CATCCAACCA	GCAACAGGAA -3084 CAGGGCTGAA -3014
CTCCCTCCC	TGTGAATCTA	GGATTATTTC	AAAACAAAGC	TITACAGAAA	CAICCAAGGA	TACTOR -3014
CTCACACACA	COMMISSION	- GGCAGGCACG	COMCCACTO	A TITAGCIAT	. IIMIIIIMII	TACTTACTTT -2944 CTGCAACCTC -2874
CIGAGACAG	GITATGCTCI	TGTTGCCCAG	TCRCCCTCC	- AGCGGCATGA	CAMMENCACCO	GTGCACCACC -2804
ACACCCCCC	ationwoods	TUTTE THE	CATGGGGGGGG	L CUCCEACLAC	GTCAACCTCA	TCTCAAAATC -2734
CTCACCCGC	CONTROL OF THE PROPERTY OF THE	. LILIMULMUF	TOCCABACTO	CACCAIGIIC	ACCUMUNICACION	CACTGCACCT -2664
CCCCTCA	g blobumums: - arautocace	ABCTTCCCTC	GCCTCAACT	CIGGGRIIA	, GOGGETGEGG	CATGGAGTTC -2594
AATTTCCCC	T TTACTCACC	CTTACCCCC	TTTCATATO	T TOTOTALTO	TTCGTAGACT	GGGGATACAC -2524
CGTCTCTTC	L CATATTCAGG	. GTTTCCCIC	CCACCTGTT	A TOCCATGGG	A CCCACTGCAG	GGGCAGCTGG -2454
GAGGCTGCA	C CCTTLICAC	. CLICIGIO	TCCCTGII	C CAGTAGAAA	CTGATGTACE	ATCAGGGCGC -2384
						AAGTCCATCC -2314
CTCCTACTC	C ACIGICATOR	A ALCICAAIG	CTATCCCCC	C CCAGGGGGCA	G AGGAGTTCCT	CTCACTCCTG -2244
TEGREGARE	. ACIGGOAII	י יייייייייייייייייייייייייייייייייייי	L CEUTOCOCO	T ACTGAATCC	A CTGTTTCAT	TGTTGGTTTG -2174
						CGCGATCTTG -2104
GCTTACTGC	A GCCTCTGCC	CCCAGGTTC	A AGTGATTOT	C CIGCTICES	C CTCCCATTT	GCTGGGATTA -2034
						GGGGTTCACC -1964

Fig. 10

WO 99/33998

ATGTTGGCCA GGCTGGTCTC GAACTTCTGA CCTCAGATGA TCCACCTGCC TCTGCCTCCT AAAGTGCTGG -1894
GATTACAGGT GTGAGCCACC ATGCCCAGCT CAGAATTTAC TCTGTTTAGA AACATCTGGG TCTGAGGTAG -1824 CAAT-Box GAAGCTCACC CCACTCAAGT GTTGTGGTGT TTTAAGCCAA TGATAGAATT TTTTTATTGT TGTTAGAACA -1754 CTCTTGATGT TTTACACTGT GATGACTAAG ACATCATCAG CTTTTCAAAG ACACACTAAC TGCACCCATA -1684 ATACTGGGGT GTCTTCTGGG TATCAGCAAT CTTCATTGAA TGCCGGGAGG CGTTTCCTCG CCATGCACAT -1614 GGTGTTAATT ACTCCAGCAT AATCTTCTGC TTCCATTTCT TCTCTTCCCT CTTTTAAAAT TGTGTTTTCT -1544 ATGTTGGCTT CTCTGCAGAG AACCAGTGTA AGCTACAACT TAACTTTTGT TGGAACAAAT TTTCCAAACC -1474 GCCCCTTTGC CCTAGTGGCA GAGACAATTC ACAAACACAG CCCTTTAAAA AGGCTTAGGG ATCACTAAGG -1404 GGATTTCTAG AAGAGCGACC TGTAATCCTA AGTATTTACA AGACGAGGCT AACCTCCAGC GAGCGTGACA -1334 GCCCAGGGAG GGTGCGAGGC CTGTTCAAAT GCTAGCTCCA TAAATAAAGC AATTTCCTCC GGCAGTTTCT -1264 GAAAGTAGGA AAGGTTACAT TTAAGGTTGC GTTTGTTAGC ATTTCAGTGT TTGCCGACCT CAGCTACAGC -1194 ATCCCTGCAA GGCCTCGGGA GACCCAGAAG TTTCTCGCCC CCTTAGATCC AAACTTGAGC AACCCGGAGT -1124 CTGGATTCCT GGGAAGTCCT CAGCTGTCCT GCGGTTGTGC CGGGGCCCCA GGTCTGGAGG GGACCAGTGG -1054 CCGTGTGGCT TCTACTGCTG GGCTGGAAGT CGGGCCTCCT AGCTCTGCAG TCCGAGGCTT GGAGCCAGGT -984 GCCTGGACCC CGAGGCTGCC CTCCACCCTG TGCGGGCGGG ATGTGACCAG ATGTTGGCCT CATCTGCCAG -914 ACAGAGTGCC GGGGCCCAGG GTCAAGGCCG TTGTGGCTGG TGTGAGGCGC CCGGTGCGCG GCCAGCAGGA -844 CCAC-Box GCGCCTGGCT CCATTUCCCA CCCTTTCTCG ACGGGACGC CCCGGTGGGT GATTAACAGA TTTGGGGTGG -774 TTTGCTCATG GTGGGGACCC CTCGCCGCCT GAGAACCTGC AAAGAGAAAT GACGGGCCTG TGTCAAGGAG -704 CCCAAGTCGC GGGGAAGTGT TGCAGGGAGG CACTCCGGGA GGTCCCGCGT GCCCGTCCAG GGAGCAATGC -634 AP-2 GTCCTCGGGT TCCTCCCAG CCCCCTTCA CCTCCCCTTC ACGTCCGGCA TTCGTGGTGC -564 CCGGAGCCCG ACGCCCCGCG TCCGGACCTG GAGGCAGCCC TGGGTCTCCG GATCAGGCCA GCGGCCAAAG -494 GGTCGCCGCA CGCACCTGTT CCCAGGGCCT CCACATCATG GCCCCTCCCT CGGGTTACCC CACAGCCTAG -424 Spl GCCGATTCGA CCTCTCTCCG CTGGGGCCCT CGCTGCGCTC CCTGCACCCT GGGAGCGCGA GCGGCGCGG -354 Spl GGCCGGGAAG CGCGGCCCAG ACCCCCGGGT CCGCCGGAG CAGCTGCGCT GTCGGGGCCA GGCCGGGCTC -284 <u>c-Myc</u> CCAGTGGATT CGCGGGCACA GACGCCCAGG ACCGCGCTCC CCACGTGGCG GAGGGACTGG GGACCCGGGC -214 ACCOSTCCTG COCCTTCACC TTCCAGCTCC GCCTCCTCCG CGCGGACCCC GCCCGGTCCC GACCCCTCCC -144 Spi GGGTCCCCGG CCCAGCCCC TCCGGGCCCT CCCAGCCCCT CCCCTTCCTT TCCGCGGCCCC CGCCCCTCTCC TCGCGGCGCG AGTTTCAGGC AGCGCTGCGT CCTGCTGCGC ACGTGGGAAG CCCTGGCCCC GGCCACCCCC -4 GCGATG 3

WO 99/33998 PCT/EP98/08216



ERSATZBLATT (REGEL 26)

4

1 / 18

SEQUENZPROTOKOLL

```
<110> Bayer AG
        <120> Regulatorische DNA-Sequenzen aus der 51-Region vom Gen
5
              der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit und
              deren diagnostische und therapeutische Verwendung
        <130> LeA32805-Ausland
10
        <140>
        <141>
         <160× 20
15
         <170> PatentIn Vers. 2.0
         <210> 1
         <211> 5126
20
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
         gagetetgaa eegtggaaae gaacatgaee ettgeetgee tgetteeetg ggtgggtcaa 60
         gggtaatgaa gtggtgtgca ggaaatggcc atgtaaatta cacgactctg ctgatgggga 120
25
         cogrected carcattate catchecace occaaggact gaatgattoc agcaacttor 180
         togggtgtga caagccatga caaaactcag tacaaacacc actottttac taggcccaca 240
         gagcacgggc cacacccctg atatattaag agtccaggag agatgaggct gctttcagcc 300
         accaggorgg ggrgacaaca goggorgaac agrorgtroc rotagacrag tagaccorgg 360
30
         caggiactic cocaaattot agggeotggt tgotgottoe cgagggegec atotgocotg 420
         gagactcage etggggtgee acactgagge cagecetgte tecacaceet cegeetecag 480
         geoteagett etecageage ttectaaace etgggtggge egtgttecag egetaetgte 540
         tracetytee cartytytet tytetrageg argtageteg cargytteet cetraratyg 600
         qqtqtctqtc tccttcccca acactcacat gcgttgaagg gaggagattc tgcgcctccc 660
35
         agactggete etetgageet gaacetgget egtggeecee gatgeaggtt eetggegtee 720
         ggetgeacge tgacetecat ttecaggege teccegtete etgteatetg ceggggeetg 780
         coggratget ettergette tgtgeteett tecaegteca gergegratg tetergeceg 840
         ctagggtete ggggttttta taggeatagg acggggegt ggtgggecag ggcgctettg 900
         ggaaatgcaa catttgggtg tgaaagtagg agtgcctgtc ctcacctagg tccacgggca 960
         caggectggg gatggagece ecgecaggga ecegecette tetgeccage aettteetge 1020
40
         coccetecet ctggaacaca gagtggeagt ttccacaagc actaagcate ctcttcccaa 1080
         aagacccage attggcacce etggacattt geeccacage eetgggaatt caegtgacta 1140
         cgcacatcat gtacacactc ccgtccacga ccgacccccg ctgttttatt ttaatagcta 1200
         caaagcaggg aaatccctgc taaaatgtcc tttaacaaac tggttaaaca aacgggtcca 1260
45
         teegeacggt ggacagttee teacagtgaa gaggaacatg cegtttataa ageetgeagg 1320
         catctcaagg gaattacgct gagtcaaaac tgccacctcc atgggatacg tacgcaacat 1380
         gctcaaaaag aaagaatttc accccatggc aggggagtgg ttaggggggt taaggacggt 1440
         ggggggggca getggggget actgcacgca cettttacta aagccagttt cetggttetg 1500
         atggtattgg ctcagttatg ggagactaac cataggggag tggggatggg ggaacccgga 1560
         ggctgtgcca tctttgccat gcccgagtgt cctgggcagg ataatgctct agagatgccc 1620
 50
         acgtectgat tececeaaac etgtggacag aaccegeeeg geeceaggge etttgeaggt 1680
         gtgatctccg tgaggaccct gaggtctggg atccttcggg actacctgca ggcccgaaaa 1740
         graatccagg ggreetggga agaggeggge aggagggtea gaggggggea geetcaggae 1800
         gatggaggca gtcagtctga ggctgaaaag ggagggaggg cctcgagccc aggcctgcaa 1860
          gcgcctccag aagctggaaa aagcggggaa gggaccctcc acggagcctg cagcaggaag 1920
 55
          geacggetgg ccettagece accagggece ategtggace teeggeetee gtgccatagg 1980
          agggcactcg cgctgccctt ctagcatgaa gtgtgtgggg atttgcagaa gcaacaggaa 2040
          acccatgcac tgtgaatcta ggattatttc aaaacaaagg tttacagaaa catccaagga 2100
          cagggctgaa gtgcctccgg gcaagggcag ggcaggcacg agtgatttta tttagctatt 2160
 60
          tratttatt tacttacttt ctgagacaga gttatgctct tgttgcccag gctggagtgc 2220
          ageggeatga tettggetea etgeaacete egteteetgg gtteaageaa ttetegtgee 2280
          tragectore aagtagetgg gattteagge gtgeaceace acaceegget aattttgtat 2340
          ttttagtaga gatgggettt caccatgttg gtcaagetga tetcaaaate etgacetcag 2400
          gtgatccgcc cacctcagcc teccaaagtg ctgggattac aggcatgagc cactgcacct 2460
```

```
ggcctattta accattttaa aacttccctg ggctcaagtc acacccactg gtaaggagtt 2520
        catggagtte aattteeest ttacteagga gttaceetee tttgatattt tetgtaatte 2580
        ttoqtaqact ggggatacac cgtctcttga catattcaca gtttctgtga ccacctgtta 2640
        teccatggga eccaetgeag gggeagetgg gaggetgeag getteaggte ceagtggggt 2700
 5
        tgccatctgc cagtagaaac ctgatgtaga atcagggcgc aagtgtggac actgtcctga 2760
        atotoaatgt otoagtgtgt gotgaaacat gtagaaatta aagtocatoo otootactot 2820
        actgggattg agccccttcc ctatcccccc ccaggggcag aggagttcct ctcactcctg 2880
        tggaggaagg aatgatactt tgttattttt cactgctggt actgaatcca ctgtttcatt 2940
        tgttggtttg tttgttttgt tttgagagge ggtttcactc ttgttgctca ggctggaggg 3000
        agtgcaatgg cgcgatcttg gcttactgca gcctctgcct cccaggttca agtgattctc 3060
10
        ctgcttccgc ctcccatttg gctgggatta caggcacccg ccaccatgcc cagctaattt 3120
        tttgtatttt tagtagagac gggggtgggt ggggttcacc atgttggcca ggctggtctc 3180
        gaacttetga ceteagatga tecacetgee tetgeeteet aaagtgetgg gattacaggt 3240
        gtgagccacc atgcccagct cagaatttac totgtttaga aacatotggg totgaggtag 3300
        gaageteace ceaeteaagt gttgtggtgt tttaageeaa tgatagaatt tttttattgt 3360
15
        tgttagaaca ctcttgatgt tttacactgt gatgactaag acatcatcag cttttcaaag 3420
        acacactaac tgcacccata atactggggt gtcttctggg tatcagcaat cttcattgaa 3480
        tgccgggagg cgtttcctcg ccatgcacat ggtgttaatt actccagcat aatcttctgc 3540
         ttccatttct tetettecet ettttaaaat tgtgttttet atgttggett etetgeagag 3600
        aaccagtgta agctacaact taacttttgt tggaacaaat tttccaaacc gcccctttgc 3660
20
         cctagtggca gagacaattc acaaacacag ccctttaaaa aggcttaggg atcactaagg 3720
         ggatttctag aagagcgacc tgtaatccta agtatttaca agacgaggct aacctccagc 3780
         gagogtgaca geccagggag ggtgcgagge ctgttcaaat gctageteca taaataaage 3840
         aatttcctcc ggcagtttct gaaagtagga aaggttacat ttaaggttgc gtttgttagc 3900
         atttcagtgt ttgccgacct cagctacagc atccctgcaa ggcctcggga gacccagaag 3960
25
         tttctcgccc ccttagatcc aaacttgagc aacccggagt ctggattcct gggaagtcct 4020
         cagetgreet geggttgrge eggggeecca ggtetggagg ggaccagtgg eegrgtgget 4080
         tctactgctg ggctggaagt cgggcctcct agctctgcag tccgaggctt ggagccaggt 4140
         gcctggaccc cgaggctgcc ctccaccctg tgcgggcggg atgtgaccag atgttggcct 4200
         catctgccag acagagtgcc ggggcccagg gtcaaggccg ttgtggctgg tgtgaggcgc 4260
30
         ccggtgcgcg gccagcagga gcgcctggct ccatttccca ccctttctcg acgggaccgc 4320
         cccggtgggt gattaacaga tttggggtgg tttgctcatg gtggggaccc ctcgccgcct 4380
         gagaacctgc aaagagaaat gacgggcctg tgtcaaggag cccaagtcgc ggggaagtgt 4440
         tgcagggagg cactccggga ggtcccgcgt gcccgtccag ggagcaatgc gtcctcgggt 4500
         togteccoag cogegtotac gogootcogt cotoccotto acgtecggca ttcgtggtgc 4560
35
         coggageceg acgeecegeg tecggaectg gaggeagece tgggteteeg gateaggeca 4620
         geggecaaag ggregeegea egeacetgtt cecagggeet ceacateatg geeceteeet 4680
         cgggttaccc cacagectag geegattega ceteteteeg etggggeeet egetggegte 4740
         cotgoaccot gggagogoga goggogogog ggoggggaag cgcgggoccag acccccgggt 4800
         ccgcccggag cagctgcgct gccggggcca ggccgggctc ccagtggatt cgcgggcaca 4860
 40
         gacgcccagg accgcgctcc ccacgtggcg gagggactgg ggacccgggc acccgtcctg 4920
         ccccttcacc ttccagetec geetectecg egeggacece geecegtece gacccetece 4980
         gggtccccgg cccagcccc tccgggccct cccagccct cccttcctt tccgcggccc 5040
         cyccctctcc tcgcggcgcg agtttcaggc agcgctgcgt cctgctgcgc acgtgggaag 5100
 45
         ccctggcccc ggccaccccc gcgatg
         <210> 2
         <211> 4042
         <212> DNA
 50
          <213> Homo sapiens
          <400> 2
          gtttcaggca gcgctgcgtc ctgctgcgca cgtgggaagc cctggccccg gccacccccg 60
          cgatgccgcg cgctccccgc tgccgagccg tgcgctccct gctgcgcagc cactaccgcg 120
          aggtgetgee getggecaeg ttegtgegge geetggggee ceagggetgg eggetggtge 180
 55
          agcgegggga ceeggegget tteegegege tggtggeeca gtgeetggtg tgegtgeect 240
          gggacgcacg geogeococc geogeococc cotteegcca ggtgtcctgc ctgaaggage 300
          tggtggcccg agtgctgcag aggctgtgcg agcgcggcgc gaagaacgtg ctggccttcg 360
          gettegeget getggaeggg gecegegggg gececeega ggeetteace accagegtge 420
          gcagetacet geccaaeaeg gtgaeegaeg caetgegggg gageggggeg tgggggetge 480
 60
          tgctgcgccg cgtgggcgac gacgtgctgg ttcacctgct ggcacgctgc gcgctctttg 540
          tgctggtggc tcccagctgc gcctaccagg tgtgcgggcc gccgctgtac cagctcggcg 600
          ctgccactca ggcccggccc ccgccacacg ctagtggacc ccgaaggcgt ctgggatgcg 660
          aacgggcctg gaaccatagc gtcagggagg ccggggtccc cctgggcctg ccagcccgg 720
          gtgcgaggag gcgcgggggc agtgccagcc gaagtctgcc gttgcccaag aggcccaggc 780
 65
```

```
gtggcgctgc ccctgagccg gagcggacgc ccgttgggca ggggtcctgg gcccacccgg 840
        gcaggacgcg tggaccgagt gaccgtggtt tctgtgtggt gtcacctgcc agacccgccg 900
        aagaagccac ctctttggag ggtgegetet etggeaegeg ceaeteceae ceateegtgg 960
        geogecagea ceaegeggge eccecateea categeggee accaegteec tgggacaege 1020
5
        cttgtccccc ggtgtacgcc gagaccaagc acttcctcta ctcctcaggc gacaaggagc 1080
        agetgeggee etectteeta eteagetete tgaggeecag eetgaetgge geteggagge 1140
        togtogagae catettete ggttecagge cottogatgee agggactece cgcaggttgc 1200
        cocgectgee ccagegetae tggcaaatge ggcccetgtt tetggagetg ettgggaace 1260
        acgegeagtg cocctaeggg gtgeteetea agaegeactg cocgetgega getgeggtea 1320
10
        ccccagcage eggtgtetgt gccegggaga agccccaggg ctctgtggeg gcccccgagg 1380
        aggaggacac agacccccgt cgcctggtgc agctgctccg ccagcacagc agcccctggc 1440
        aggtgtacgg cttcgtgcgg gcctgcctgc gccggctggt gcccccaggc ctctggggct 1500
        ccaggcacaa cgaacgccgc ttcctcagga acaccaagaa gttcatctcc ctggggaagc 1560
        atgccaaget etegetgeag gagetgaegt ggaagatgag egtgegggae tgegettgge 1620
15
        tgcgcaggag cccaggggtt ggctgtgttc cggccgcaga gcaccgtctg cgtgaggaga 1680
        tcctggccaa gttcctgcac tggctgatga gtgtgtacgt cgtcgagctg ctcaggtctt 1740
        tettttatgt caeggagaee aegttteaaa agaacagget etttttetae eggaagagtg 1800
        totggagcaa gttgcaaagc attggaatca gacagcactt gaagagggtg cagctgcggg 1860
        agetgtegga ageagaggte aggeageate gggaageeag geeegeeetg etgaegteea 1920
20
        gactccgctt catccccaag cctgacgggc tgcggccgat tgtgaacatg gactacgtcg 1980
        tgggagccag aacgttccgc agagaaaaga gggccgagcg tctcacctcg agggtgaagg 2040
        cactgttcag cgtgctcaac tacgagcggg cgcggcccc cggcctcctg ggcgcctctg 2100
        tgctgggcct ggacqatate cacagggcct ggcgcacett cgtgctgcgt gtgcgggccc 2160
         aggaccegce geetgagetg tactttgtca aggtggatgt gaegggegeg tacgacacca 2220
25
         tcccccagga caggetcacg gaggtcatcg ccagcatcat caaaccccag aacacgtact 2280
        gegtgegteg gtatgeegtg gtecagaagg cegeceatgg geacgteege aaggeettea 2340
         agagecaegt etetacettg acagacetee agecgtacat gegacagtte gtggeteace 2400
         tgcaggagac cagecegetg agggatgeeg tegteatega gcagagetee tecetgaatg 2460
         aggecageag tggeetette gaegtettee taegetteat gtgecaceae geegtgegea 2520
30
         tcaggggcaa gtcctacgtc cagtgccagg ggatcccgca gggctccatc ctctccacgc 2580
         tgctctgcag cctgtgctac ggcgacatgg agaacaagct gtttgcgggg attcggcggg 2640
         acgggetget cetgegtttg gtggatgatt tettgttggt gacaceteae etcacecacg 2700
         cgaaaacctt cctcaggacc ctggtccgag gtgtccctga gtatggctgc gtggtgaact 2760
         tgcggaagac agtggtgaac ttccctgtag aagacgaggc cctgggtggc acggcttttg 2820
         ttcagatgcc ggcccacggc ctattcccct ggtgcggcct gctgctggat acccggaccc 2880
35
         tggaggtgca gagcgactac tccagctatg cccggacctc catcagagcc agtctcacct 2940
         tcaaccgcgg cttcaaggct gggaggaaca tgcgtcgcaa actctttggg gtcttgcggc 3000
         tgaagtgtca cagcetgttt etggatttge aggtgaacag cetecagaeg gtgtgcacca 3060
         acatctacaa gatectectg etgeaggegt acaggtttea egeatgtgtg etgeagetee 3120
40
         catttcatca gcaagtttgg aagaacccca catttttcct gcgcgtcatc tctgacacgg 3180
         cotcoctotg ctactocato otganagoca agaacgcagg gatgtogotg ggggccaagg 3240
         gegeegeegg ceetetgeee teegaggeeg tgeagtgget gtgccaccaa geatteetge 3300
         tcaagetgae tegacacegt greacetacg tgecaeteet ggggteaete aggacagece 3360
         agacgcaget gagteggaag etceegggga egaegetgae tgeeetggag geegeageea 3420
45
         acceggeact geceteagae tteaagaeca teetggaetg atggecaece geceaeagee 3480
         aggeogagag cagacaccag cageoetgte acgeoggget etacgteeca gggagggagg 3540
         ggcggcccac acccaggccc gcaccgctgg gagtctgagg cctgagtgag tgtttggccg 3600
         aggeotgeat gtocoggotga aggotgagtg tocoggotgag gcotgagoga gtgtocoagoo 3660 aagggotgag tgtocoagooc acotgoogto ttocottoco cacaggotgg cgctoggoto 3720
50
         caccccaggg ccagcttttc ctcaccagga gcccggcttc cactccccac ataggaatag 3780
         tecatececa gattegecat tgttcacece tegecetgee etectttgee ttecacecec 3840
         accatecagg tggagaceet gagaaggaee etgggagete tgggaatttg gagtgaeeaa 3900
         aggtgtgccc tgtacacagg cgaggaccct gcacctggat gggggtccct gtgggtcaaa 3960
         ttggggggag gtgctgtggg agtaaaatac tgaatatatg agtttttcag ttttgaaaaa 4020
 55
         aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
         <210> 3
         <211> 11276
         <212> DNA
 60
         <213> Homo sapiens
          acttgagece aagagtteaa ggetaeggtg agecatgatt geaacaceae acgeeageet 60
          tggtgacaga atgagaccet gtetcaaaaa aaaaaaaaa aattgaaata atataaagca 120
          tettetetgg ccacagtgga acaaaaccag aaatcaacaa caagaggaat tttgaaaact 180
 65
```

```
atacaaacac atgaaaatta aacaatatac ttctgaatga ccagtgagtc aatgaagaaa 240
        ttaaaaagga aattgaaaaa tttatttaag caaatgataa cggaaacata acctctcaaa 300
        acccacggta tacagcaaaa gcagtgctaa gaaggaagtt tatagctata agcagctaca 360
        tcaaaaaagt agaaaagcca ggcgcagtgg ctcatgcctg taatcccagc actttgggag 420
 5
        gccaaggegg gcagategee tgaggteagg agttegagae cageetgace aacacagaga 480
        aaccttgtcg ctactaaaaa tacaaaatta gctgggcatg gtggcacatg cctgtaatcc 540
        cagetacteg ggaggetgag geaggataac egettgaace caggaggtgg aggttgeggt 600
        gagccgggat tgcgccattg gactccagcc tgggtaacaa gagtgaaacc ctgtctcaag 660
        aaaaaaaaaa aagtagaaaa acttaaaaat acaacctaat gatgcacctt aaagaactag 720
10
        aaaagcaaga gcaaactaaa cctaaaattg gtaaaagaaa agaaataata aagatcagag 780
        cagaaataaa tgaaactgaa agataacaat acaaaagatc aacaaaatta aaagttggtt 840
        ttttgaaaag ataaacaaaa ttgacaaacc tttgcccaga ctaagaaaaa aggaaagaag 900
        acctaaataa ataaagtcag agatgaaaaa agagacatta caactgatac cacagaaatt 960
        caaaqqatca ctaqaqqcta ctatqaqcaa ctqtacacta ataaattqaa aaacctaqaa 1020
15
        aaaataqata aatteetaga tqeatacaac etaccaagat tgaaccatga agaaateeaa 1080
        ageccaaaca gaccaataac aataatggga ttaaagecat aataaaaagt eteetageaa 1140
        agagaageee aggaceeaat ggetteeetg etggatttta ecaateattt aaagaagaat 1200
        gaattccaat cctactcaaa ctattctgaa aaatagagga aagaatactt ccaaactcat 1260
        tctacatggc cagtattacc ctgattccaa aaccagacaa aaacacatca aaaacaaaca 1320
20
        aacaaaaaa cagaaagaaa gaaaactaca ggccaatatc cctgatgaat actgatacaa 1380
        aaatcctcaa caaaacacta qcaaaccaaa ttaaacaaca ccttcgaaag atcattcatt 1440
        gtgatcaagt gggatttatt ccagggatgg aaggatggtt caacatatgc aaatcaatca 1500
        atgtgataca tcatcccaac aaaatgaagt acaaaaacta tatgattatt tcactttatg 1560
        cagaaaaagc atttgataaa attctgcacc cttcatgata aaaaccctca aaaaaccagg 1620
25
        tatacaagaa acatacagge caggeacagt ggeteacace tgegateeca geactetggg 1680
        aggecaaggt gggatgattg ettgggeeca ggagtttgag actageetgg geaacaaaat 1740
        gagacctggt ctacaaaaaa cttttttaaa aaattagcca ggcatgatgg catatgcctg 1800
        tagtcccagc tagtctggag gctgaggtgg gagaatcact taagcctagg aggtcgaggc 1860
        tgcagtgage catgaacatg tcactgtact ccagcctaga caacagaaca agaccccact 1920
30
        aggaggtgga ggagaagtgg aaggggaagg ggaagggaaa gaggaagaag aagaaacata 2040
        tttcaacata ataaaagccc tatatgacag accgaggtag tattatgagg aaaaactgaa 2100
        ageettteet etaagatetg gaaaatgaea agggeeeact tteaceactg tgatteaaca 2160
        tagtactaga agtectaget agageaatea gataagagaa agaaataaaa ggeatecaaa 2220
35
        ctggaaagga agaagtcaaa ttatcctgtt tgcagatgat atgatcttat atctggaaaa 2280
        gacttaagac accactaaaa aactattaga gctgaaattt ggtacagcag gatacaaaat 2340
         caatgtacaa aaatcagtag tatttctata ttccaacagc aaacaatctg aaaaagaaac 2400
        caaaaaaqca qctacaaata aaattaaaca qctaggaatt aaccaaagaa gtgaaagatc 2460
        tctacaatga aaactataaa atgttgataa aagaaattga agagggcaca aaaaaagaaa 2520
40
         agatatteca tgtteataga ttggaagaat aaataetgtt aaaatgteca taetaeeccaa 2580
         agcaatttac aaattcaatg caatccctat taaaatacta atgacgttct tcacagaaat 2640
        agaagaaaca attctaagat ttgtacagaa ccacaaaaga cccagaatag ccaaaagctat 2700
        cctgaccaaa aagaacaaaa ctggaagcat cacattacct gacttcaaat tatactacaa 2760
         agctatagta acccaaacta catggtactg gcataaaaac agatgagaca tggaccagag 2820
45
         qaacaqaata qaqaatccaq aaacaaatcc atgcatctac agtgaactca tttttgacaa 2880
         aggtgccaag aacatacttt ggggaaaaga taatctcttc aataaatggt gctggaggaa 2940
         ctggatatcc atatgcaaaa taacaatact agaactctgt ctctcaccat atacaaaagc 3000
         aaatcaaaat ggatgaaagg cttaaatcta aaacctcaaa ctttgcaact actaaaagaa 3060
         aacaccggag aaactctcca ggacattgga gtgggcaaag acttcttgag taattccctg 3120
50
         caggcacagg caaccaaagc aaaaacagac aaatgggatc atatcaagtt aaaaagcttc 3180
         tgcccagcaa aggaaacaat caacaaagag aagagacaac ccacagaatg ggagaatata 3240
         tttgcaaact attcatctaa caaggaatta ataaccagta tatataagga gctcaaacta 3300
         ctctataaqa aaaacaccta ataagctgat tttcaaaaaat aagcaaaaga tctgggtaga 3360
         catttctcaa aataaqtcat acaaatqqca aacaqqcatc tqaaaatqtq ctcaacacca 3420
55
         ctgatcatca gagaaatgca aatcaaaact actatgagag atcatctcat cccagttaaa 3480
         atggetttta tteaaaagae aggeaataae aaatgeeagt gaggatgtgg ataaaaggaa 3540
         accettggae actgttggtg ggaatggaaa ttgctaccac tatggagaac agtttgaaag 3600
         ttcctcaaaa aactaaaaat aaagctacca tacagcaatc ccattgctag gtatatactc 3660
         caaaaaaqqq aatcaqtqta tcaacaagct atctccactc ccacatttac tgcagcactg 3720
60
         ttcatagcag ccaaggtttg gaagcaacct cagtgtccat caacagacga atggaaaaag 3780
         aaaatgtggt gcacatacac aatggagtac tacgcagcca taaaaaagaa tgagatcctg 3840
         tcagttgcaa cagcatgggg ggcactggtc agtatgttaa gtgaaataag ccaggcacag 3900
         aaagacaaac ttttcatgtt ctcccttact tgtgggagca aaaattaaaa caattgacat 3960
         agaaatagag gagaatggtg gttctagagg ggtgggggac agggtgacta gagtcaacaa 4020
 65
         taatttattg tatgttttaa aataactaaa agagtataat tgggttgttt gtaacacaaa 4080
```

```
gaaaggataa atgcttgaag gtgacagata ccccatttac cctgatgtga ttattacaca 4140
        ttgtatgcct gtatcaaaat atctcatgta tgctatagat ataaacccta ctatattaaa 4200
        aattaaaatt ttaatggcca ggcacggtgg ctcatgtccg taatcccagc actttgggag 4260
        gccgaggcgg gtggatcacc tgaggtcagg agtttgaaac cagtctggcc accatgatga 4320
 5
        aaccctgtct ctactaaaga tacaaaaatt agccaggcgt ggtggcacat acctgtagtc 4380
        ccaactactc aggaggctga gacaggagaa ttgcttgaac ctgggaggcg gaggttgcag 4440
        tgagccgaga tcatgccact gcactgcagc ctgggtgaca gagcaagact ccatctcaaa 4500
        acaaaaacaa aaaaaagaag attaaaattg taatttttat gtaccgtata aatatatact 4560
        ctactatatt agaagttaaa aattaaaaca attataaaag gtaattaacc acttaatcta 4620
10
        aaataagaac aatgtatgtg gggtttctag cttctgaaga agtaaaagtt atggccacga 4680
        tggcagaaat gtgaggaggg aacagtggaa gttactgttg ttagacgctc atactctctg 4740
        taagtgactt aattttaacc aaagacaggc tgggagaagt taaagaggca ttctataagc 4800
        cctaaaacaa ctgctaataa tggtgaaagg taatctctat taattaccaa taattacaga 4860
        tatetetaaa ategagetge agaattggea egtetgatea caeegteete teatteaegg 4920
15
        tgcttttttt cttgtgtgct tggagatttt cgattgtgtg ttcgtgtttg gttaaactta 4980
        atotgtatga atootgaaac gaaaaatggt ggtgatttoc tocagaagaa ttagagtacc 5040
        tggcaggaag caggtggctc tgtggacctg agccacttca atcttcaagg gtctctggcc 5100
        aagacccagg tgcaaggcag aggcctgatg acccgaggac aggaaagctc ggatgggaag 5160
        gggcgatgag aagcctgcct cgttggtgag cagcgcatga agtgccctta tttacgcttt 5220
20
        gcaaagattg ctctggatac catctggaaa aggcggccag cgggaatgca aggagtcaga 5280
         agectectge teaaacccag gecageaget atggegeeca eeegggegtg tgecagaggg 5340
        agaggagtca aggcacctcq aagtatggct taaatctttt tttcacctga agcagtgacc 5400
        aaggtgtatt ctgagggaag cttgagttag gtgccttctt taaaacagaa agtcatggaa 5460
        geaccettet caagggaaaa ccagacgeec getetgeggt catttacete ttteetetet 5520
25
         ccctctcttg ccctcgcggt ttctgatcgg gacagagtga cccccgtgga gcttctccga 5580
        gcccgtgctg aggacctct tgcaaagggc tccacagacc cccgccttgg agagaggagt 5640
        ctgagcctgg cttaataaca aactgggatg tggctggggg cggacagcga cggcgggatt 5700
         caaagactta attccatgag taaattcaac ctttccacat ccgaatggat ttggatttta 5760
         tottaatatt ttottaaatt toatoaaata acattoagga otgoagaaat ocaaaggogt 5820
30
        aaaacaggaa ctgagctatg tttgccaagg tccaaggact taataaccat gttcagaggg 5880
         atttttcgcc ctaagtactt tttattggtt ttcataaggt ggcttagggt gcaagggaaa 5940
         gtacacgagg agaggcctgg gcggcagggc tatgagcacg gcagggccac cggggagaga 6000
         gtccccggcc tgggaggctg acagcaggac cactgaccgt cctccctggg agctgccaca 6060
         ttgggcaacg cgaaggcggc cacgctgcgt gtgactcagg accccatacc ggcttcctgg 6120
35
         geceacecae actaacecag gaagteacgg agetetgaac cegtggaaac gaacatgace 6180
        cttgcctgcc tgcttccctg ggtgggtcaa gggtaatgaa gtggtgtgca ggaaatggcc 6240
         atgtaaatta cacgactctg ctgatgggga ccgttccttc catcattatt catcttcacc 6300
         cccaaggact gaatgattcc agcaacttct tcgggtgtga caagccatga caaaactcag 6360
         tacaaacacc actettttac taggeecaca gageaeggse cacacccetg atatattaag 6420
40
         agtecaggag agatgagget gettteagee accaggetgg ggtgacaaca geggetgaac 6480
         agtotyttcc totagactag tagaccotyg caggoactoc cocagattot agggootygt 6540
         tgctgcttcc cgagggcgcc atctgccctg gagactcagc ctggggtgcc acactgaggc 6600
         cagecetyte tecacaecet eggetecay geteagett etecageage ttectaaace 6660 etgggtggge egtyttecay egetactyte teacetyte caetytet tyteteageg 6720
45
         acgtageteg caeggtteet ceteacatgg ggtgtetgte teetteecca acacteacat 6780
         gegttgaagg gaggagatte tgegeeteee agaetggete etetgageet gaacetgget 6840
         cgtggccccc gatgcaggtt cctggcgtcc ggctgcacgc tgacctccat ttccaggcgc 6900
         teccegtete etgteatetg ceggggeetg ceggtgtgtt ettetgttte tgtgeteett 6960
         tocacgtoca gotgogtgtg tototgocog ctagggtoto ggggttttta taggoatagg 7020
50
         acgggggct ggtgggcag ggcgctcttg ggaaatgcaa catttgggtg tgaaagtagg 7080
         agtgcctgtc ctcacctagg tccacgggca caggcctggg gatggagccc ccgccaggga 7140 cccgcccttc tctgcccagc actttcctgc ccccttcct ctggaacaca gagtggcagt 7200
         ttccacaage actaageate etetteecaa aagaceeage attggcacee etggacattt 7260
         gecceacage cetgggaatt caegtgacta egcacateat gtacacacte cegtecaega 7320
55
         ccgacccccg ctgttttatt ttaatagcta caaagcaggg aaatccctgc taaaatgtcc 7380
         tttaacaaac tggttaaaca aacgggtcca tccgcacggt ggacagttcc tcacagtgaa 7440
         gaggaacatg ccgtttataa agcctgcagg catctcaagg gaattacgct gagtcaaaac 7500
         tgccacctcc atgggatacg tacgcaacat gctcaaaaaag aaagaatttc accccatggc 7560
         aggggagtgg ttaggggggt taaggacggt gggggcggca gctgggggct actgcacgca 7620
60
         ccttttacta aagccagttt cctggttctg atggtattgg ctcagttatg ggagactaac 7680
         cataggggag tggggatggg ggaacccgga ggctgtgcca tctttgccat gcccgagtgt 7740
         cctgggcagg ataatgctct agagatgccc acgtcctgat tcccccaaac ctgtggacag 7800
         aacccgcccg gccccagggc ctttgcaggt gtgatctccg tgaggaccct gaggtctggg 7860
         atcetteggg actacetgca ggcccgaaaa gtaatecagg ggttetggga agaggeggge 7920
65
         aggagggtca gaggggggca gcctcaggac gatggaggca gtcagtctga ggctgaaaag 7980
```

```
ggagggaggg cctcgagccc aggcctgcaa gcgcctccag aagctggaaa aagcggggaa 8040
        qqqaccetcc acggagcctg cagcaggaag gcacggctgg cccttagccc accagggccc 8100
        atogtggacc teeggeetee gtgccatagg agggcacteg egetgeeett etagcatgaa 8160
        gtgtgtgggg atttgcagaa gcaacaggaa acccatgcac tgtgaatcta ggattatttc 8220
 5
        aaaacaaaqq tttacagaaa catccaagga cagggctgaa gtgcctccgg gcaagggcag 8280
        gttatgctct tgttgcccag gctggagtgc agcggcatga tcttggctca ctgcaacctc 8400
        cgtctcctgg gttcaagcaa ttctcgtgcc tcagcctccc aagtagctgg gatttcaggc 8460
        qtqcaccacc acaccoggct aattitigtat ttttagtaga gatgggcttt caccatgttg 8520
10
        greaagetga teteaaaate etgaceteag grgateegee caceteagee teecaaagtg 8580
        ctgggattac aggeatgage cactgeacet ggeetattta accattttaa aaetteeetg 8640
        ggctcaagtc acaccactg gtaaggagtt catggagttc aatttcccct ttactcagga 8700
        gttaccetce tttgatattt tetgtaatte ttegtagaet ggggatacae egtetettga 8760
        catattcaca gtttctgtga ccacctgtta tcccatggga cccactgcag gggcagctgg 8820
15
        qaqqctqcaq gcttcaggtc ccagtggggt tgccatctgc cagtagaaac ctgatgtaga 8880
        atcagggege aagtgtggac actgteetga ateteaatgt etcagtgtgt getgaaacat 8940
        gragaaatta aagtccatcc ctcctactct actgggattg agccccttcc ctatccccc 9000
        ccaggggcag aggagttect ctcactectg tggaggaagg aatgatactt tgttattttt 9060
        20
        ggtttcactc ttgttgctca ggctggaggg agtgcaatgg cgcgatcttg gcttactgca 9180
        gcctctgcct cccaggttca agtgattctc ctgcttccgc ctcccatttg gctgggatta 9240
        caggcacccg ccaccatgcc cagctaattt tttgtatttt tagtagagac gggggtgggt 9300
        ggggttcacc atgttggcca ggctggtctc gaacttctga cctcagatga tccacctgcc 9360
        totgoctoot aaagtgorgg gattacaggt gtgagccacc atgoccagot cagaatttac 9420
25
        totgtttaga aacatotggg totgaggtag gaagotoaco coactoaagt gttgtggtgt 9480
        tttaaqccaa tqataqaatt tttttattgt tgttagaaca ctcttgatgt tttacactgt 9540
        gatgactaag acatcatcag cttttcaaag acacactaac tgcacccata atactggggt 9600
        gtcttctggg tatcagcaat cttcattgaa tgccgggagg cgtttcctcg ccatgcacat 9660
        ggtgttaatt actocagcat aatottotgo trocatttot totottocot ottttaaaat 9720
30
        tgtgttttct atgttggctt ctctgcagag aaccagtgta agctacaact taacttttgt 9780
        tggaacaaat tttccaaacc geceetttge ectagtggca gagacaatte acaaacacag 9840
        ccctttaaaa aggcttaggg atcactaagg ggatttctag aagagcgacc tgtaatccta 9900
        agtatttaca agacgagget aacetecage gagegtgaca geecagggag ggtgegagge 9960
        ctgttcaaat gctagctcca taaataaagc aatttcctcc ggcagtttct gaaagtagga 10020
35
        aaggttacat ttaaggttgc gtttgttagc atttcagtgt ttgccgacct cagctacagc 10080
        attottqcaa qqcctcqqqa gacccagaag tttctcqccc ccttagatcc aaacttgagc 10140
        aacccggagt ctggattcct gggaagtcct cagctgtcct gcggttgtgc cggggcccca 10200
        ggtctggagg ggaccagtgg ccgtgtggct tctactgctg ggctggaagt cgggcctcct 10260
        agetetgeag tecgaggett ggagecaggt geetggacee egaggetgee etecaceetg 10320
        tgcgggcggg atgtgaccag atgttggcct catctgccag acagagtgcc ggggcccagg 10380
40
        gtcaaggccg ttgtggctgg tgtgaggcgc ccggtgcgcg gccagcagga gcgcctggct 10440
        ccatttccca ccctttctcg acgggaccgc cccggtgggt gattaacaga tttggggtgg 10500
         tttgctcatg gtggggaccc ctcgccgcct gagaacctgc aaagagaaat gacgggcctg 10560
         tgtcaaggag cccaagtcgc ggggaagtgt tgcagggagg cactccggga ggtcccgcgt 10620
         gecegterag ggageaatge gteetegggt tegteeccag cegegtetae gegeeteegt 10680
 45
         coteccette aegteeggea ttegtggtge eeggageeeg aegeeeegeg teeggaeetg 10740
         gaggcagccc tgggtctccg gatcaggcca gcggccaaag ggtcgccgca cgcacctgtt 10800
         cccagggcct ccacatcatg gecectecet egggttacec cacagectag geegattega 10860
         cetetetecg etggggeeet egetggegte eetgeaceet gggagegega geggegege 10920
 50
         ggcggggaag cgcggcccag acccccgggt ccgcccggag cagctgcgct gtcggggcca 10980
         ggccgggete ccagtggatt cgcgggcaca gacgcccagg accgcgctcc ccacgtggcg 11040
         gagggactgg ggaccegggc accegtectg eccetteace ttecagetee geeteeteeg 11100
         egeggacece geceegteec gaceceteec gggteecegg cecagecece teegggeect 11160
         cccagcccct ccccttcctt tccgcggccc cgccctctcc tcgcggcgcg agtttcaggc 11220
         agegetgegt cetgetgege acgtgggaag ceetggeece ggecaccece gegatg
 55
         <210> 4
         <211> 104
         <212> DNA
 60
         <213> Homo sapiens
         gtgggcctcc ccggggtcgg cgtccggctg gggttgaggg cggccggggg gaaccagcga 60
         catgoggaga gcagogcagg cgactcaggg cgcttccccc gcag
 65
```

:

7 / 18.

```
<210> 5
        <211> 8616
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
5
        qtqaqqaqqt ggtggccgtc gagggcccag gccccagagc tgaatgcagt aggggctcag 60
        aaaagggggc aggcagagcc ctggtcctcc tgtctccatc gtcacgtggg cacacgtggc 120
        ttttcgctca ggacgtcgag tggacacggt gatctctgcc tctgctctcc ctcctgtcca 180
10
        gtttgcataa acttacgagg ttcaccttca cgttttgatg gacacgeggt ttccaggegc 240
        cgaggccaga gcagtgaaca gaggaggctg ggcgcggcag tggagccggg ttgccggcaa 300
        tggggagaag tgtctggaag cacagacgct ctggcgaggg tgcctgcagg ttacctataa 360
        tcctcttcgc aatttcaagg gtgggaatga gaggtgggga cgagaacccc ctcttcctgg 420
        gggtgggagg taagggtttt gcaggtgcac gtggtcagcc aatatgcagg tttgtgttta 480
15
        agatttaatt gtgtgttgac ggccaggtgc ggtggctcac gccggtaatc ccagcacttt 540
        gggaagetga ggeaggtgga teacetgagg teaggagttt gagaccagee tgaccaacat 600
        ggtgaaaccc tatctgtact aaaaatacaa aaattagctg ggcatggtgg tgtgtgcctg 660
        taatcccagc tacttgggag gctgaggcag gagaatcact tgaacccagg aggcggaggc 720
        tgcagtgage tgagattgtg ccattgtact ccageetggg cgacaagagt gaaactetgt 780
        ctttaaaaaa aaaaagtgtt cgttgattgt gccaggacag ggtagaggga gggagataag 840
20
        actgttctcc agcacagatc ctggtcccat ctttaggtat gaagagggcc acatgggagc 900
        agaggacage agatggetee acctgetgag gaagggacag tgtttgtggg tgttcagggg 960
        atggtgctgc tgggccctgc cgtgtcccca ccctgttttt ctggatttga tgttgaggaa 1020
        cotcogetee agoccoettt tggoteccag tgeteccagg coetacegtg geagetagaa 1080
25
        gaagtcccga tttcaccccc tccccacaaa ctcccaagac atgtaagact tccggccatg 1140
        cagacaagga gggtgacett cttggggete tttttttet tttttett ttatggtgge 1200
        aaaagtcata taacatgaga ttggcactcc taacaccgtt ttctgtgtac agtgcagaat 1260
        tgctaactcg gcggtgttta cagcaggttg cttgaaatgc tgcgtcttgc gtgactggaa 1320
        gtccctaccc atcgaacggc agctgcctca cacctgctgc ggctcaggtg gaccacgccg 1380
30
        aqtcaqataa gcgtcatgca acccagtttt gctttttgtg ctccagcttc cttcgttgag 1440
        gagagtttga gttctctgat caggactctg cctgtcattg ctgttctctg acttcagatg 1500
        aggtcacaat ctgcccctgg cttatgcagg gagtgaggcg tggtccccgg gtgtccctgt 1560
         cacgtgcagg gtgagtgagg cgttgccccc aggtgtccct gtcacgtgta gggtgagtga 1620
        ggcgcggccc ccgggtgtcc ctgtcccgtg cagcgtgatt gaggtgtggc ccccgggtgt 1680
35
         ccctgtcacg tgtagggtga gtgaggcgcc atccccgggt gtccctgtca cgtgtagggt 1740
         gagtgaggcg tggtccccgg gtgtccctgt cccgtgcagg gtgagtgagg cactgtcccc 1800
         gggtgtccct gtcacgtgca gggtgagtga ggcgcggtcc ccgggtgtcc ctctcaggtg 1860
         tagggtgagt gaggcgcggc cccagggtgt ccctgtcacg tgtagggtga gtgaggcacc 1920
         gtccctgggt gtccctccca ggtatagggt gagtgaggca ctgtccccgg gtgtccctgt 1980
40
         cacgtgcagg gtgagtgagg cgcggccccc gggtgtccct ctcaggtgca gggtgagtga 2040
         ggegetgtee etgggtgtee etgtetegtg tagggtgagt gaggetetgt ecceaggtgt 2100
         cettggegtt tgetcacttg agettgetee tgaatgtttg etettetat agecacaget 2160
         gegeeggttg cecattgeet gggtagatgg tgeaggegea gtgetggtee ceaageetat 2220
         cttttctgat geteggetet tettggteac eteteegtte cattttgeta eggggacaeg 2280
         ggactgcagg ctctcgcctc ccgcgtgcca ggcactgcag ccacagettc aggtccgctt 2340
45
         geotetgttg ggeotggett geteaceacg tgeocgecae atgeatgetg ceaatactee 2400
         totoccaget tgtotcatgo cgaggotgga ctotgggotg cotgtgtotg otgccacgtg 2460
         ttgctggaga catcccagaa agggttctct gtgccctgaa ggaaagcaag tcaccccagc 2520
         cccctcactt gtcctgtttt ctcccaaget gcccctctgc ttggccccct tgggtgggtg 2580
 50
         gcaacgettg tcacettatt ctgggcacet gccgctcatt gcttaggctg ggctctgcct 2640
         ccagtcgccc cctcacatgg attgacgtcc agccacaggt tggagtgtct ctgtctgtct 2700
         congenerga gaccoacgig gagggooggi gionocgoca goothogica gacticoctic 2760
         ttgggtetta gttttgaatt teactgattt acctetgaeg tttetatete tecattgtat 2820
         55
         cctctaagtg ctgccttacc tgcaccctgt gttttgatgt gaagtaatct caacatcagc 2940
         cactttcaag tgttcttaaa atacttcaaa gtgttaatac ttcttttaag tattcttatt 3000
         ctgtgatttt tttctttgtg cacgctgtgt tttgacgtga aatcattttg atatcagtga 3060
         cttttaagta ttctttagct tattctgtga tttctttgag cagtgagtta tttgaacact 3120
         gtttatgttc aagatatgta gagtatcaag atacgtagag tattttaagt tatcatttta 3180
         trattgattt ctaactcagt tgtgtagtgg tctgtataat accaattatt tgaagtttgc 3240
 60
         ggagcettge tttgtgatet agtgtgtgca tggtttecag aactgtecat tgtaaatttg 3300
         acatectyte aatagtygge atgeatytte actatateca gettattaag gtecagtyca 3360
         aagettetgt eteettetag atgeatgaaa tteeaagaag gaggeeatag teeeteaeet 3420
         gggggatggg totgttoatt tottotogtt tggtagcatt tatgtgaggo attgttaggt 3480
 65
         qCatgcacqt ggtagaattt ttatcttcct gatgagtgaa tcttttggag acttctatgt 3540
```

```
ctctagtaat ctagtaattc tttttttaaa ttgctcttag tactgccaca ctgggcttct 3600
        tttgattagt attttcctgc tgtgtctgtt ttctgccttt aatttatata tatatata 3660
        ttttttttt ttttgagaca gagtcttggt ctgtcgccca gggtgagtgc agtggtgtga 3720
        tcacaggtca gtgtaacttt taccttctgg cctgagccgt cctctcacct cagcctcctg 3780
 5
        agtagetgga actgeagaea egeaeegeta eacetggeta atttttaaat tttttetgga 3840
        gacagggtet tgctgtgttg cccaggetgg tctcaaactc ttggactcaa gggatccatc 3900
        tacctegget teceaaagtg etgaattaca ggeatgagee accatgtetg geetaatttt 3960
        caacactttt atattcttat agtgtgggta tgtcctgtta acagcatgta ggtgaatttc 4020
        caatccagtc tgacagtcgt tgtttaactg gataacctga tttattttca tttttttgtc 4080
10
        actagagace egectggtge actetgatte tecaettgee tgttgcatgt ectegtteee 4140
        ttgtttctca ccacctcttg ggttgccatg tgcgtttcct gccgagtgtg tgttgatcct 4200
        ctcgttgcct cctggtcact gggcatttgc ttttatttct ctttgcttag tgttaccccc 4260
        tgatcttttt attgtcgttg tttgcttttg tttattgaga cagtctcact ctgtcaccca 4320
        ggctggagtg taatggcaca atctcggctc actgcaacct ctgcctcctc ggttcaagca 4380
15
        gttctcattc ctcaacctca tgagtagctg ggattacagg cgcccaccac cacgcctggc 4440
        taatttttgt atttttagta gagatagget tteaceatgt tggecagget ggteteaaac 4500
        tectgacete aagtgatetg coegeettgg ceteccacag tgctgggatt acaggtgcaa 4560
        gccaccgtgc ccggcatacc ttgatcttt aaaatgaagt ctgaaacatt gctacccttg 4620
        tcctgagcaa taagaccett agtgtatttt agetetggee acceccage etgtgtgetg 4680
20
        ttttccctgc tgacttagtt ctatctcagg catcttgaca cccccacaag ctaagcatta 4740
        ttaatattqt tttccqtqtt qaqtqtttct qtaqctttqc ccccqccctg cttttcctcc 4800
        tttgttcccc gtctgtcttc tgtctcaggc ccgccgtctg gggtcccctt ccttgtcctt 4860
        tgcgtggttc ttctgtcttg ttattgctgg taaaccccag ctttacctgt gctggcctcc 4920
        atggcateta gegacgteeg gggacetetg ettatgatge acagatgaag atgtggagae 4980
25
        tcacgaggag ggcggtcatc ttggcccgtg agtgtctgga gcaccacgtg gccagcgttc 5040
        cttagccagt gagtgacagc aacgtccgct cggcctgggt tcagcctgga aaaccccagg 5100
        catgtcgggg tctggtggct ccgcggtgtc gagtttgaaa tcgcgcaaac ctgcggtgtg 5160
        gegecagete tgaeggtget geetggeggg ggagtgtetg etteeteeet tetgettggg 5220
        aaccaggaca aaggatgagg ctccgagccg ttgtcgccca acaggagcat gacgtgagcc 5280
30
        atgtggataa ttttaaaatt tctaggctgg gcgcggtggc tcacgcctgt aatcccagca 5340
        ctttgggagg ccaaggcggg tggatcacga ggtcaggagg tcgagaccat cctggccaac 5400
        atgatgaaac cccatctgta ctaaaaacac aaaaattagc tgggcgtggt ggcgggtgcc 5460
        tgtaatccca gctactcggg aggctgaggc aggagaattg cttgaacctg ggagttggaa 5520
        gttgcagtga gccgacattg caccactgca ctccagcctg gcaacacagc gagactctgt 5580
35
        ctcaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aattctagta gccacattaa aaaagtaaaa 5640
        aagaaaaggt gaaattaatg taataataga ttttactgaa gcccagcatg tccacacctc 5700
        atcattttag ggtgttattg gtgggagcat cactcacagg acatttgaca ttttttgagc 5760
        titgtotgcq qqatcccqtq tqtaqqtccc gtgcgtggcc atctcggcct ggacctgctg 5820
        ggcttcccat ggccatggct gttgtaccag atggtgcagg tccgggatga ggtcgccagg 5880
40
        ccctcagtga gctggatgtg cagtgtccgg atggtgcacg tctgggatga ggtcgccagg 5940
        ccctgctgtg agctggatgt gtggtgtctg gatggtgcag gtcaggggtg aggtctccag 6000
        gccctcggtg agctggaggt atggagtccg gatgatgcag gtccggggtg aggtcgccag 6060
        gccctgctgt gagctggatg tgtggtgtct ggatggtgca ggtcaggggt gaggtctcca 6120
        ggccctcggt aagctggagg tatggagtcc ggatgatgca ggtccggggt gaggtcgcca 6180
45
         ggccctgctg tgagctggat gtgtggtgtc tggatggtgc aggtctgggg tgaggtcacc 6240
        aggccctgcg gtgagctggg tgtgcggtgt ctggatggtg caggtctgga gtgaggtcgc 6300
         cagacggtgc cagaccatgc ggtgagctgg atatgcggtg tccggatggt gcaggtctgg 6360
         ggtgaggttg ccaggccctg ctgtgagttg gatgtggggt gtccggatgc tgcaggtccg 6420
         gtgtgaggtc accaggccct gctgtgagct ggatgtgtgg tgtctggatg gtgcaggtct 6480
50
         ggggtgaagg tcgccaggcc cctgcttgtg agctggatgt gtggtgtctg gatggtgcag 6540
         gtctggagtg aggtcgccag gccctcggtg agctggatgt gcagtgtcca gatggtgcag 6600
         gtccggggtg aggtcgccag accetgcggt gagctggatg tgcggtgtct ggatggtgca 6660
         ggtctggagt gaggtcgcca ggccctcggt gagctggatg tatggagtcc ggatggtgcc 6720
         ggtccggggt gaggtcgcca gaccctgctg tgagctggat gtgcggtgtc tggatggtac 6780
55
         aggtotggag tgaggtogco agaccotgot gtgagotgga tatgoggtgt coggatggtg 6840
         caggicaggg gigaggicic caggeocicg gigagcigga ggiatggagi ccggatgatg 6900
         caggiceggg gigaggicge caggeeeige igigaacigg aigtgeggeg iciggaiggi 6960
         gcaggtetgg ggtgtggtcg ccaggecete ggtgagetgg aggtatggag teeggatgat 7020
         gcaggtccgg ggtgaggtcg ccaggccctg ctgtgagctg gatgtgcggc gtctggatgg 7080
60
         tgcaggtctg gggtgtggtc gccaggccct cggtgagctg gaggtatgga gtccggatga 7140
         tqcaqqtccq qqqtqaqqtt qccaggcct gctgtgagct ggatgtgctg tatccggatg 7200
         gtgcagtccg gggtgaggtc gccaggccct gctgtgagct ggatgtgctg tatccggatg 7260
         gtgcaggtet ggggtgaggt caccaggece tgcggtgage tggttgtgcg gtgtccggtt 7320
         getgeaggte eggggtgagt tegeeaggee eteggtgage tggatgtgeg gtgteeeegt 7380
 65
         gtccggatgg tgcaggtcca gggtgaggtc gctaggccct tggtgggctg gatgtgccgt 7440
```

```
gtccggatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggcctt tggtgagctg gatgtgcggt 7500
        gtctgcatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggccct tggtgggctg gatgtgtggt 7560
        gtccggatgg tgcaggtccg gcgtgaggtc gccaggccct gctgtgagct ggatgtgcgq 7620
        tgtctggatg gtgcaggtcc ggggtgaggt agccaaggcc ttcggtgagc tggatgtggg 7680
 5
        gtgtccggat ggtgcaggtc cggggtgagg tcgccaggcc ctgcggttag ctggatatgc 7740
        ggtgtccgga tggtgcaggt ccggggtgag gtcaccaggc cctgcggtta gctggatgtg 7800
        cggtgtctgg atggtgcagg tccggggtga ggtcgccagg ccctgctgtg agctggatgt 7860
        gctgtatccg gatggtgcag gtccggggtg aggtcgccag gccctgcagt gagctggatg 7920
        tgctgtatcc ggatggtgca ggtctggcgt gaggtcgcca ggccctgcgg ttagctggat 7980
10
        atgcggtgtc ggatggtgca ggtccggggt gaggtcacca ggccctgcgg ttagctggat 8040
        gtgcggtgtc cggatggtgc aggtctgggg tgaggtcgcc aggccctgct gtgagctgga 8100
        tgtgctgtat ccggatggtg caggtccggg gtgaggtcgc caggccctgc ggtgagctgg 8160
        atgtgctgta teeggatggt geaggtetgg egtgaggteg ceaggeeetg eggtgagetg 8220
        gatgtgcagt gtacggatgg tgcaggtccg gggtgaggtc gccaggccct gcggtgggct 8280
15
        gtatgtgtgt tgtctggatg gtgcaggtcc ggggtgagtt cgccaggccc tgcggtgagc 8340
        tggatgtgtg gtgtctggat gctgcaggtc cggggtgagt tcgccaggcc ctcggtgagc 8400
        tggatatgcg gtgtccccgt gtccgaatgg tgcaggtcca gggtgaggtc gccaggccct 8460
        tggtgggctg gatgtgccgt gtccggatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggccct 8520
        tgqtgagctg gatgtgcggt gtccggatgg tgcaggtccg gggtgaggtc accaggccct 8580
20
        cggtgatctg gatgtggcat gtccttctcg tttaag
        <210> 6
        <211> 2089
        <212> DNA
25
        <213> Homo sapiens
        gtactgtatc cccacgccag gcctctgctt ctcgaagtcc tggaacacca gcccggcctc 60
        ageatgegee tgteteeact tgeetgtget tecetggetg tgeagetetg ggetgggage 120
30
        caggggcccc greacaggec tggtccaagt ggattetgtg caaggetetg actgcctgga 180
        geteacqttc tettaettgt aaaatcagga gtttgtgeca agtggtetet agggtttgta 240
        aagcagaagg gatttaaatt agatggamac actaccacta gcctccttgc ctttccctgg 300
        gatgtgggtc tgattctctc tctctttttt ttttcttttt tgagatggag tctcactctg 360
        ttgcccagge tggagtgeag tggcataate ttggctcact gcaaceteca cetectgggt 420
35
        ttaaqcqatt caccaqcctc aqcctcctaa qtaqctqqqa ttacaqqcac ctqccaccac 480
        gcctggctaa tttttgtact tttaggagag acggggtttc accatgttgg ccaggctggt 540
        ctcgaactca tgacctcagg tgatccaccc accttggcct cccaaagtgc tgggtttaca 600
        qqctaaqcca ccqtqccaq ccccqattc tcttttaatt catgctgttc tgtatgaatc 660
        ttcaatctat tggatttagg tcatgagagg ataaaatccc acccacttgg cgactcactg 720
40
        cagggagcac ctgtgcaggg agcacctggg gataggagag ttccaccatg agctaacttc 780
        taggtggctg catttgaatg gctgtgagat tttgtctgca atgttcggct gatgagagtg 840
        tgagattgtg acagattcaa gctggatttg catcagtgag ggacgggagc gctggtctgg 900
        gagatgccag cctggctgag cccaggccat ggtattagct tctccgtgtc ccgcccaggc 960
        tgactgtgga gggctttagt cagaagatca gggcttcccc agctcccctg cacactcgag 1020
45
        tecetggggg geettgtgae acceeatgee ecaaateagg atgtetgeag agggagetgg 1080
        gccatttcct tgcatctggg ggagggtcag ggctttccct gtggggaacaa gttaatacac 1200 aatgcacctt acttagactt tacacgtatt taatggtgtg cgacccaaca tggtcatttg 1260
         accagtattt tggaaagaat ttaattgggg tgaccggaag gagcagacag acgtggtggt 1320
50
         ccccaagatg ctccttgtca ctactgggac tgttgttctg cctggggggc cttggaggcc 1380
        cetectecet ggacagggta cegtgeettt tetaetetge tgggeetgeg geetgeggte 1440
         agggcaccag ctccggagca cccgcggccc cagtgtccac ggagtgccag gctgtcagcc 1500
         acagatgece aggreeaggt graggeegete cageceeegt geeeceatgg graggtritgg 1560
         gggaaaaggc caagggcaga ggtgtcagga gactggtggg ctcatgagag ctgattctgc 1620
55
         teettggetg agetgeeetg ageageetet eeegeeetet ceatetgaag ggatgtgget 1680
         ctttctacct gggggtcctg cctggggcca gccttgggct accccagtgg ctgtaccaga 1740
         gggacaggca tcctgtgtgg aggggcatgg gttcacgtgg ccccagatgc agcctgggac 1800
         caggeteect ggtgetgatg gtgggacagt caccetgggg gttgacegee ggactgggeg 1860
         tecceagggt tgactatagg accaggtgte caggtgeect geaagtagag gggeteteag 1920
60
         aggogtotgg otggcatggg tggacgtggc cocgggcatg gcottcageg tgtgctgccg 1980
```

tgggtgccct gagccctcac tgagtcggtg ggggcttgtg gcttcccgtg agcttccccc 2040

tagtetgttg tetggetgag caageeteet gaggggetet etattgeag

4

```
<210> 7
        <211> 687
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
 5
        grggcrgrgc trrggrraa crrccrrr aaacagaagt grgrraggc cocacarrig 60
        gtatcagett agatgaaggg cccggaggag gggccacggg acacagccag ggccatggca 120
        cggcgccaac ccatttgtgc gcacagtgag gtggccgagg tgccggtgcc tccagaaaag 180
10
        cagcgtgggg gtgtaggggg agctcctggg gcagggacag gctctgagga ccacaagaag 240
        cagcogggcc agggcctgga tgcagcacgg cccgaggtcc tggatccgtg tcctgctgtg 300
        gtgcgcagcc tccgtgcgct tccgcttacg gggcccgggg accaggccac gactgccagg 360
        ageceacegg getetgagga teetggaeet tgeeceaegg eteetgeace ecaeceetgt 420
        ggctgcggtg gctgcggtga ccccgtcatc tgaggagagt gtggggtgag gtggacagag 480
         gtgtggcatg aggatecegt gtgcaacaca catgeggeca ggaaccegtt tcaaacaggg 540
15
         totgaggaag otgggagggg ttotaggtoo ogggtotggg tggotgggga cactggggag 600
        qqqctqcttc tcccctgggt ccctatggtg gggtgggcac ttggccggat ccactttcct 660
         gactgtctcc catgctgtcc ccgccag
20
         <210> 8
         <211> 494
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
25
         gtgggtgccg gggacccccg tgagcagccc tgctggacct tgggagtggc tgcctgattg 60
         gcacctcatg ttgggtggag gaggtactcc tgggtgggcc gcagggagtg caggtgaccc 120
         tgtcactgtt gaggacacac ctggcaccta gggtggaggc cttcagcctt tcctgcagca 180
         catggggccg actgtgcacc ctgactgccc gggctcctat tcccaaggag ggtcccactg 240
30
         gattccagtt tccgtcagag aaggaaccgc aacggctcag ccaccaggcc ccggtgcctt 300
         gcaccccagt cctgagccag gggtctcctg tcctgaggct cagagagggg acacagcccg 360
         ccctgccctt ggggtctgga gtggtggggg tcagagagag agtgggggac accgccaggc 420
         caggeetga gggeagaggt gatgtetgag tttetgegtg gecaetgtea gteteetege 480
         ctccactcac acag
35
         <210> 9
         <211> 865
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
40
         <400> 9
         gtaaggttca cgtgtgatag tcgtgtccag gatgtgtgtc tctgggatat gaatgtgtct 60 agaatgcagt cgtgtctgtg atgcgtttct gtggtggagg tacttccatg atttacacat 120
         ctgtgatatg cgtgtgtggc acgtgtgtgt cgtggtgcat gtatctgtgg cgtgcatatt 180
45
         tatagtatat atatatatag cacatatat tecatagtat statacets gatatacat 240
         tgtgtgtgtc tgtgacacgt gcatgttcat gctgtgtgct gcatgtctgt gatgtgccta 300
         tttgtggtgt gtgtgtgcat gtgtccgtga catatgcgtg tctatggcat gggtgtgtgt 360
         ggccccttgg cettactect tectecteca ggcatggtec geaccattgt ceteaegete 420
         togggtgctg gtttggggag ctccacattc agggtcctca cttctagcat gggtgcccct 480
         gtcctgtcac agggctgggc cttggagact gtaagccagg tttgagagga gagtagggat 540
50
         gctggtggta ccttcctgga cccctggcac ccccaggacc ccagtctggc ctatgccggc 600
         tocatgagat ataggaagge tgattcagge etegeteece gggacacaet ceteccagag 660
         cggccggggg cettgggget cggcaggggt gaaaggggcc ctgggcttgg gttcccaccc 720
         agtggtcatg agcacgctgg aggggtaagc cctcaaagtc gtgccaggcc ggggtgcaga 780
         ggtgaagaag tatccctgga gcttcggtct ggggagaggc acatgtggaa acccacaagg 840
55
          acctettet etgaettett gaget
         <210> 10
         <211> 3782
 60
          <212> DNA
          <213> Homo sapiens
          <400> 10
          tgtgggattg gttttcatgt gtgggatagg tggggatctg tgggattggt ttttatgagt 60
 65
          ggggtaacac agagttcaag gcgagctttc ttcctgtagt gggtctgcag gtgctccaac 120
```

```
agetttattg aggagaccat atetteettt gaactatggt egggtttata gtaagteagg 180
        ggtgtggagg cctccctgg gctccctgtt ctgtttcttc cactctgggg tcgtgtggtg 240
        cctgctgtgg tgtgtggccg gtgggcaggg cttccaggcc tccttgtgtt cattggcctg 300
        gatgtggccc tggctacgct ccgtccttgg aattcccctg cgagttggag gctttctttc 360
 5
        tttcttttt tctttcttt tttttttt tgataacaga gtctcgctct tttttgccca 420
        ggctggagtg gtttggcgtg atcttggctc actgcaacct gtgcttcctg agttcaagca 480
        attetettge etcageetce caagtagetg gaattatagg egeccaccae catgetgact 540
        aatttttgta attttagtag agacgaggtt tctccatgtt ggccaggctg gtctcgaact 600
        cetgacetea ggtgatecte ecacetegge eteccaaagt getgggatga caggtgtgaa 660
10
        ccgccgcgcc cggccgagac tcgcttcctg cagcttccgt gagatctgca gcgatagctg 720
        cotgoagoot tggtgotgac aacotoogtt ttoottotoc aggtotogot aggggtottt 780
        ccatttcatg actotottca cagaagagtt tcacgtgtgc tgatttcccg gctgtttcct 840
        gcgtaattgg tgtctgctgt ttatcgatgg cctccttcca tttcctttag gctttgttta 900
        ttgttgtttt tccggctcct tgaaggaaaa gtttcgatta tggatgtttg aactttcttt 960
15
        totaaacaag catotgaagt tgoogtttto cototaaagc agggatoccg aggcocotgg 1020
        ctgtggagtg gcaccggtct ggggcctgtt aggaacccgg cgcacagcgg gaggctaggt 1080
        ggggtgtggg gagccagcgt tcccgcctga gccccgccc tctcagatca gcagtggcat 1140
        geggtgetea gaggegeaca caccetactg agaactgtge gtgagagggg tetagattet 1200
        gtgctcctta tgggaatcta atgcctgatg atctgaggtg gaaccgtttg ctcccaaaac 1260
20
        cateceette eccaetgetg teetgtggaa aaategtett ecaegaaace agteeetggt 1320
        accacaatgg ttggggaccc tgtgctaaag acctgcttca gcagcctctc gtcagtgttg 1380
        atatattggc ttttctgtgt tgagtccaga ataattacgg atttctgtga tgctttccgc 1440
        cgacctcaga cccatgggct atttgtgggc gtgttgcctg ctcctgggtt gggaagggtg 1500
        caggececat gtacetteet gttactgeet tecaggttgg, ttetcagggt tgaategtae 1560
25
        togatgtggt tttagcccac ggccctgccg ccagctcctg ggggctgggg aacatgctga 1620
        agcacagagt caccgtgcgc gtcttttgat gcctcacaag ctcgaggcct cctgtgtccg 1680 tgttagtgtg tgtcacgtgc ctgctcacat cctgtcttgg ggacgcaggg gcttagcagg 1740
        tcccgtagta aatgacaagc gtcctggggg agtctgcaga ataggaggtg ggggtgccgg 1800
        tetetetee qeqtetteag actettetee tgeetgtget gtggetgeae etgeateeet 1860
        gcaatccctc cagcactggg ctggagaggc ccgggagctc gagtgccact tgtgccacgt 1920
30
        gactgtggat ggcagtcggt cacgggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggttgg 1980
        tcacaggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tgggggtctga tgtggtgact 2040
        gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga 2100
        tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtggt gactgtggat ggcggtcgtg 2160
35
        gggtctgatg tggtgactgt ggatggcagt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat 2220
        ggcggtcgtg gggtctgatg tggtgactgt ggatggcagt cgtggggtct gatgtgtggt 2280
        gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt 2340
        ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtgtggtga ctgtggatgg 2400
         cggtcgtggg gtctgatgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtgtggtga 2460
40
         ctgtggatgg tgatcggtca caggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gcggtcgtgg 2520
        ggtctgatgt gtggtgactg tggatggtga tcggtcacag gggtctgatg tgtggtgact 2580
         gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggttg gtcccggggg 2640
         totgatgtgt ggtgactgtg gatggcgatc ggtcacaggg gtctgatgtg tggtgactgt 2700
         ggatggcggt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg 2760
45
         tqtqqtqact qtqqatqqcq qtcqtqqgqt ctqatqtqqt gactqtgqat ggcqgtcqtg 2820
         gggtctgatg tggtgactgt ggatggcggt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat 2880
         ggcggttggt cccgggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt ggggtctgat 2940
         gtggtgactg tggatggcag tcgtggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt 3000
         ggggtctgat gtgtggtgac tgtggatggc ggtcgtgggg tctgatgtgt ggtgactgtg 3060
50
         gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gcggtcgtgg ggtctgatgt 3120
         ggtgactgtg gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gtgatcggtc 3180
         acaggggtct gatgtgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg tgtggtgact 3240
         gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg 3300
         tqtqqtqact qtqqatqqcq gtcqtaqqqt ctqatqtqt gtqactqtqq atqqcaqtcq 3360
55
         gtcacagggg totgatgtgt ggtgactgtg gatggcggtc gtgggggtctg atgtgtggtg 3420
         actgtggatg geggtegtgg ggtetgatgt gtggtgaetg tggatggegg tegtggggte 3480
         tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt ggggtctgat gtggtgactg tggatggtga 3540
         teggteacag gggtetgatg tgtggtaget geaggtggag teccaggtgt gtetgtaget 3600
         actitgegie eteggeeece eggeeecegt ticceaaaca gaagetteec aggegetete 3660
 60
         tgggcttcat eccgecateg ggcttggeeg caggtecaca egteetgate ggaagaaaca 3720
         agtgcccagc tetggccggg gcaggccaca tttgtggctc atgccctctc ctctgccggc 3780
```

65

```
<210> 11
        <211> 980
        <212> DNA
        <213 > Homo sapiens
 5
        <400> 11
        gtctgggcac tgccctgcag ggttgggcac ggactcccag cagtgggtcc tcccctgggc 60
        aatcactqqg ctcatgaccg gacagactgt tggccctggg gggcagtggg gggaatgagc 120
        tgtgatgggg gcatgatgag ctgtgtgcct tggcgaaatc tgagctgggc catgccaggc 180
10
        tgcgacagct gctgcattca ggcacctgct cacgtttgac tgcgcggcct ctctccagtt 240
        ccgcagtgcc tttgttcatg atttgctaaa tgtcttctct gccagttttg atcttgaggc 300
        caaaggaaag gtgtccccct cctttaggag ggcaggccat gtttgagccg tgtcctgccc 360
        agetggeece teagtgetgg gtetgaggee aaaggaaaeg tgteeceett ettaggagga 420
        cgggccgtgt ttgagccacg ccccgctgag cgggcctctc agtgctgggt ctgtccacgt 480
15
        qqccctqtqq ccctttqcaq atqtqqtctq tccacqtggc cctqtqqctc tttqcaqatq 540
        cctgttagca cttgctcggc tctaggggac agtcgtgtcc accgcatgag gctcagagac 600
        ctctgggcga atttccttgg ctcccagggt gggggtggag gtggcctggg ctgctgggac 660
        ccagaccetg tgcccggcag ctgggcagca actectggat cacatatgcc atccgggcca 720
        cggtgggctq tgtgggtgtg agcccagctg gacccacagg tggcccagag gagacgttct 780
20
        gtgtcacaca ctctgcctaa gcccatgtgt gtctgcagag actcggcccg gccagcccac 840
        gatggccctg cattccagcc cagccccgca cttcatcaca aacactgacc ccaaaaggga 900
        cggagggtet tggccacgtg gtcctgcctg tetcagcace caccggetca etcccatgtg 960
        tetecegtet getttegeag
25
         <210> 12
         <211> 2485
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
30
         qtqaqtcaqq tqqccaqqtg ccattgccct gcgggtggct gggcgggctg gcagggcttc 60
         tgctcacctc tctcctgccc cttccccact gnccttctgc ccgggggccac cagagtctcc 120
         ttttctggcc cccgcccct ccggctcctg ggctgcaggc tcccgaggcc ccggaaacat 180
         ggctcggctt gcggcagccg gagcggagca ggtgccacac gaggcctgga aatggcaagc 240
35
         ggggtgtgga gttgctcctg cgtggaggac gaggggcggg gggtgtgtct gggtcaggtg 300
         tgcgccgagc gtttgagcct gcagcttgtc agctccaagt tactactgac gctggacacc 360
         cggctctcac acgcttgtat ctctctctc cgatacaaaa ggattttatc cgattctcat 420
         tectgteeet gtegtgtgae eeeegegagg gegegggete ttetetetgt gaetagattt 480
         cccatctgga aagtgcgggg ttgaccgtgt agtttgctcc tctcgggggg cctgtggtgg 540
40
         ccatggggca ggcggcctgg gagagctgcc gtcacacagc cactgggtga gccacactca 600
         cggtggtaga gccacagtgc ctggtgccac atcacgtcct ctggatttta agtaaaacca 660
         cacacctccc ggcaggcatc tgcctgcgac cctgtgtgtg cctggggaga gtggtagcac 720
         ggaggaaatt cgtgcacact caaggtcatc agcaaggtca tccgcagtca ggtggaacgt 780
         ggaggcctct ctctgggatc gtctccagcg gataaaggac tgtgcacagc ttcggaagct 840
45
         tttatttaaa aatataacta ttaattattg cattataagt aatcactaat ggtatcagca 900
         attataatat ttattaaagt ataattagaa atattaagta gtacacacgt tctggaaaaa 960
         cacaaattgc acatggcagc agagtgaatt ttggccgagg gacacgtgtg cacatgtgtg 1020
         taageggeee ccaggeeeae agaatteget gacaaagtea cetecceaga gaageeacea 1080
         egggeeteet tegtggtegt gaattttatt aagatggate aagteaegta eegteeaegt 1140
50
         gtggcagggc tttggggaat gtgaggtgat gactgcgtcc tcatgccctg acagacagga 1200
         ggtgactgtg tetgteetgt cectaggaca eggacaggee egaageteta gteeceateg 1260
         tggtccagtt tggcctctga ataaaaacgt cttcaaaacc tgttgcccca aaaactaaga 1320
         acagagagag tttcccatcc catgtgctca caggggcgta tctgcttgcg ttgactcgct 1380
         gggctggccg gactcctaga gttggtgcgt gtgcttctgt gcaaaaagtg cagtcctctt 1440
55
         geceateact gtgatatetg caccageaag gaaageetet tttetttet ttettttt 1500
         ttttttgaga cggaacgtca ctgttgtctg cctgggcttg agtgcagtgg cgcgatctca 1560
         actcactgca acctccgcct cccgggttcc agcatttctc ctgcctcagc ctcccgagca 1620
         gctgagatta caggcaccca ccccctgcgc ctggctaatt tttgtatttt tagtagagag 1680
         gggtttttgc catgriggcc aggctggtct cgaactcctg acctcaggtg atccacccac 1740
 60
         ctcggcctcc caaagtgctg ggattacagg tgtgagccat cacgcccagc cggaaagcct 1800
         ctttttaagg tgaccaccta tagcgcttcc cgaaaataac aggtcttgtt tttgcagtag 1860
         gctgcaageg tetettagea acaggagtgg egteetgtgg getetggggga tggctgaggg 1920
         tegegtggca gecatgeett etgtgtgcae etttaggtte caeggggcta ttetgetete 1980
         actgtttgtc tgaaaacgca cccttggcat ccttgtttgg agagtttctg cttctcgttg 2040
```

gtcatgctga aactaggggc aaggttgtat ccgttggcgc gcagcggcta catgtagggt 2100

```
catgagtctt tcaccgtgga caaattcctt gaaaaaaaaa aaaggagtcc ggttaagcat 2160
        tcattccggg tcaagtgtct ggttctgtga ataaactcta agatttaaga aaccttaatg 2220
        aaagaaaacc ttgatgattc agagcaagga tgtggtcaca cctgtggctg gatctgtttc 2280
        agccgccca gtgcatggtg agagtgggga gcagggattg tttgttcaga ggtctcatct 2340
 5
        ggtatgtttc tgaggtgttt gccggctgaa tggtagacgt gtcgtttgtg tgtatgaggt 2400
        totgtgtotg tgtgtggcte ggtttgagtg tacgcatgtc cagcacatgc cctgcccgtc 2460
        totcacctgt gtottcccgc cccag
        <210> 13
10
        <211> 1984
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
        <400> 13
15
        gtgaggecte etetteecca ggggggettg ggtgggggtt gatttgettt tgatgeatte 60
        agtgttaata ttcctggtgc tctggagacc atgactgctc tgtcttgagg aaccagacaa 120
        ggttgcagcc cettettggt atgaagccgc acgggagggg ttgcacagcc tgaggactgc 180
        gggctccacg caggctctgt ccagcggcca tgtccagagg cctcagggct cagcaggcgg 240
        gagggccgct gccctgcatg atgagcatgt gaattcaaca ccgaggaagc acaccagett 300
20
        ctgtcacqtc acccaqqttc cgttagggtc cttggggaga tggggctggt gcagcctgag 360
        geoceacate teccageagg ceetegacag gtggeetgga etgggegeet etteageeca 420
        ttgcccatcc cacttgcatg gggtctacac ccaaggacgc acacacctaa atatcgtgcc 480
        aacctaatgt ggttcaactc agctggcttt tattgacagc agttactttt ttttttttaa 540
        tactttaagt totagggtac atgtgcacga cgtgcaggtt agttacatat gtatacatgt 600
25
        gccatgttgg tgtgctgcac ccattaactc atcatttaca ttaggtatat ctcctaatgc 660
        tatecetece cactecece ateceatgae aggeentggt gtgtgatgtt ecceaecetg 720
        tgtccaagtg ttctcattgt tcagttccca cctgtgagtg agaacatgtg gtgtttggtt 780
        ttettteett geaatagttt geteagagtg atggttteea gettegteea tgteectaca 840
        aaqqacatqa actcatcctt ttttatgact gcatagtatt ccgtggtgta tatgtgccac 900
30
        attttcttaa tocagtotat catogatgga catttgggtt ggttgcaagt ctttgctact 960
        gtgaatagtg ccgcaataaa catacgtgtg catgtgtctt tatagcagca tgatttataa 1020
        teetttgggt atatacccag taatgggatg getgggteaa atggtattte tagttetaga 1080
        tccttgagga atcaccacac tgtcttccac aatggttgaa ctagtttaca ctcccaccaa 1140
        cagtgtaaaa gtgttctggt gctggagagg atgtggacag cagttatttt tttatgaaaa 1200
35
        tagtateact gaacaagcag acagttagtg aaggatgcgt caggaagcct gcaggccaca 1260
        cagccattte tetegaagae teegggtttt teetgtgeat ettttgaaac tetageteea 1320
        attatagcat gtacagtgga tcaaggttct tcttcattaa ggttcaagtt ctagattgaa 1380
        ataagtttat gtaacagaaa caaaaatttc ttgtacacac aacttgctct gggatttgga 1440
        ggaaagtgtc ctcgagctgg cggcacactg gtcagccctc tgggacagga tacctctggc 1500
40
        ccatggteat ggggegetgg gettgggeet gagggteaca cagtgeacea tgcccagett 1560
        cetgtggata ggatetgggt eteggateat getgaggace acagetgeca tgetggtaaa 1620
        gggcaccacg tggctcagag ggggcgaggt tcccagcccc agctttctta ccgtcttcag 1680
         ttatttttcc ctaagagtct gagaagtggg gccgcgcctg atggccttcg ttcgtcttca 1740
        getggeacag aattgeacaa getgatggta aacaetgagt aettataatg aatgaggaat 1800
45
        tgctgtagca gttaactgta gagagctcgt ctgttggaaa gaaatttaag tttttcattt 1860
        aaccgctttg gagaatgtta ctttatttat ggctgtgtaa attgtttgac attcagtccc 1920
         togtagacag atactacgta aaaagtgtaa agttaacctt gotgtgtatt ttoccttatt 1980
         ttag
50
         <210> 14
         <211> 1871
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
55
         <400> 14
         gtgaggcccg tgccgtgtgt ctgtggggac ctccacagcc tgtgggcttt gcagttgagc 60
         cocceptate etgeocetag cacceptages tratetete caagteetet eteteteeg 120
         gtgctggatc cgcaagagca gaggcgcttg gccgtgcacc caggcctggg ggcgcagggg 180
         cacctteggg agggagtggg taccgtgcag gecetggtee tgcagagacg cacccaggtt 240
 60
         acacacgtgg tgagtgcagg cggtgacctg gctcctgctg ctctttggaa agtcaagagt 300
         ggcqqctcct qqqqccccaq tgagacccc aggagctgtg cacagggcct gcagggccga 360
         ggcggcagcc tcctccccag ggtgcacctg agcctgcgga gagcaggagc tgctgagtga 420
         gctggcccac agcgttcgct gcggtcacgt tcctgcgtgg ggttgtttgg gatcggtggg 480
         agaatttgga tttgctgagt gctgctgtct tgaaccacgg agatggctag gagtgggttt 540
 65
         cagagttgat ttttgtgaat caaactaaaa tcaggcacag gggacctggc ctcagcacag 600
```

```
gggattgtcc aatgtggtcc ccctcaaggg cgccccacag agccggtggg cttgttttaa 660
        agtgcgattt gacgagggac gagaaacctt gaaagctgta aagggaaccc tcagaaaatg 720
        tggccgccag gggtggtttc aggtgctttg ctgggctgtg tttgtgaaaa cccatttgga 780
        cocgcottcc aagtocacce tocaggtoca coctocaggg cogcoctggg ctgggggtat 840
5
        gcctggcgtt ccttgtgccg cagcccggag cacagcaggc tgtgcacatt taaatccact 900
        aagattcact cggggggagc ccaggtccca agcaactgag ggctcaggag tcctgaggct 960
        gctgagggga cagagcagac ggggaacgct gcttctgtgt ggcaagttcc tgagggtgct 1020
        ggccagggag gtggctcaga gtgtatgttg gggtcccacc gggggcagaa ctctgtctct 1080
        gatgagtcgg cagccatgta acaggaaggg gtggccacag ggagctggga atgcaccagg 1140
10
        ggagctgcgc agctggccga ggtcccaggg ccaggccaca ggaagggcag ggggacgccc 1200
        ggggccacag cagaggccgc aggaagggaa ggggatgccc aggccagagc agaggctacc 1260
        gggcacaggg gggctccctg agctgggtga gcgaggctca tgactcggcg agggaacctc 1320
        cttgacgtga agetgacgac tggtgttgcc cagetcacag cccagecagg teccgegeet 1380
        gagcaggaac teagaaceet eccettigte taaagcacag cagatgeett cagggeatet 1440
15
        aggagaaaac aggcaaagtc gttgagaaac gtcttaaaag aaggtgggat ggtggcaatt 1500
        tottgtocag attttagtot goooggaco acagatgagt ctataacggg attgtggtgt 1560
        tgccatgggg acacatgaga tggaccatca cagaggccac tggggctgca cctcccatct 1620
        gagteetgge tgteeegggt ceaggeeagg ttettgeatg etcacetace tgteetgeee 1680
        gggagacagg gaaagcaccc cgaagtetgg agcagggetg ggtecagget cctcagaget 1740
20
        cetgecagge ccageaccet getecaaate accaettete tggggtttte caaageattt 1800
        aacaagggtg tcaggttacc tcctgggtga cggccccgca tcctggggct gacattgccc 1860
        ctctgcctta g
        <210> 15
25
        <211> 3801
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
        <400> 15
30
        gtgagcgcac ctggccggaa gtggagcctg tgcccggctg gggcaggtgc tgctgcaggg 60
        cogttgogte cacetetget teegtgtggg geaggegaet gecaateeea aagggteaga 120
        ggccacaggg tgcccctcgt cccatctggg gctgagcaga aatgcatctt tctgtgggag 180
         tgagggtgct cacaacggga gcagttttct gtgctatttt ggtaaaagga aatggtgcac 240
         cagacetggg tgcactgagg tgtetteaga aageagtetg gateegaace caagaegeee 300
35
        qqqccctqct qqqcqtqaqt ctctcaaacc cgaacacagg ggccctqctg ggcatgaqtc 360
         cctctgaacc cgagaccctg gggccctgct gggcgtgagt ctctccgaac ccagagactt 420
         cagggeeett ttgggegtga gteteteege tgtgageeee acaeteeaag geteateeae 480
         agtotacagg atgocatgag ttoatgatoa ogtgtgacoc atcaggggac agggccatgg 540
         tgtggggggg gtctctacaa aattctgggg tcttgtttcc ccagagcccg agagctcaag 600
40
         gccccgtctc aggctcagac acaaatgaat tgaagatgga cacagatgca gaaatctgtg 660
         ctgtttcttt tatgaataaa aagtatcaac attccaggca gggcaaggtg gctcacacct 720
         ataatcccag cactttggga ggccgaggtg ggtggatcac ttgaggccag gagtttgagg 780
         ccaacctaac caacatagtg aaattccatt tctacttaaa aaatacaaaa attagcctgg 840
         cctqqtqqca cacqcctqta qtccccqcta tqcqqqaqqc tqaqqcaqqa qaatcatttq 900
45
         aacccaggag gcagaggttg cagtgagecg agatcacacc actgcactcc agectgggca 960
         acagagtgag acttcatctt aaaaaaaaaa aaaaaagtat cagcattcca aaaccatagt 1020
         ggacaggtgt ttttttattc tgtccttcga taatatttac tggtgctgtg ctagaggccg 1080
         qaactqqqqq tqccttcctc tgaaaqgcac accttcatgg gaaqagaaat aagtggtgaa 1140
         tggttgttaa accagaggtt taaactgggg tectgtegtt etgagttaac agtecagate 1200 tggactttge etettecag aatgeteett ggggtttget teatggggga geageaggtg 1260
50
         tggacaccet cgtgatgggg gagcagcagg tgcagacgcc etcatgatgg gggagtggca 1320
         ggtgcagaca cccttgtgca tggtgcccag catgtccctg ttgcagctcc ctccccacaa 1380
         ggatgccggt ctcctgtgct ccccacagtc cctgcttccc tctcacagcc ttacctggtc 1440
         ctggcctcca ctggctttgt ctgcatgatt tccacatttc ctgggctccc agcacctctt 1500
55
         cycctctccc aggicactct gcagtgctgg ccataccagt cagetgtgaa ctgtccactg 1560
         cttattttgc tccccatgaa atgtattttt taggacaggc acccctggtt ccagcctctg 1620
         gcacagcatc agtgaatgtt attgaaggac aaaggacaga caaacaaatc aggaaaatgg 1680
         gttctctcta aacacattgc aaagccacag aggctagtgc aggatgggtg ggcatcaggt 1740
         catcagatgt gggtccaatg ccagaatatt ctgtgctccc aaaggccact tggtcagagt 1800
 60
         gtgtgcttgc agaggtggct ctaaaagctc agcagtggag gcagtggttc gccatactca 1860
         gggtgaacte acatectetg tgtetgaagt atacageaga ggettgaagg geatetggga 1920
         gaagaaaaca ggcaaaatga ttaagaaaag tgaaaaagga aaagtggtaa gatgggaatt 1980
         ttcttgtcca gattttagtc tcccaaacca cagctcagat ggtagaatgt ggtcagaact 2040
         gatggacaga acaatagaac aaaacggaag ccctatctct cagaaacgtg tgttaatgtg 2100
 65
         gtatgtggca cagctgatgg aaaagagagt gtgtgtgtaa ttttttttc tgagaaaact 2160
```

```
gactggaagc aaataagttg tgtctttaca gcatatacca gagcagattc taggtagaag 2220
        aggtgaacgt tccctggttt ggtgttgggg aaggacacac agggaggcgg atgaaaccag 2340
        tgaggcaacg ggcattgctt tcactgcaga gaaactcagc ttgcctgagc cacagtgaaa 2400
5
        atggccattc cotggagogt ttgtgcacgt gatttattta aggcgccctg tgaggtcctg 2460
        cacattcatc eteteactit gitetectaa ccacetgaga ggtagaggag gaaaggetee 2520
        aggggagcag cegeeettgg teacceaget ggcaaaggge atgeatgatt geageetgge 2580
        ctcctgctcc ggggcccttg ctctgcccga ggaccccaca caagtcagac ccataggctc 2640
        agggtgagcc ggagcccaag gtcgtgttgg ggatggctgt gaaagaagaa atggacgtct 2700
10
        gatgcacact tgggaaggtc ctaccagcag cgtcaaagaa atgcatgtga aactgacagc 2760
        gagacceate ceteaaagaa acgeacgtga aactgatgge gagacetgte eccatecete 2820
        atgctggctc cttttctggg cttgccaaga gccagcatca ggttgaggca agctggaaag 2880
        acttttctgg aaagcagctt gtttgcatgg aagtcctcac aatgtcctgt gtcttcccag 2940
        taatteeact tetgaagtga ceagacatta teaegggtet tatttaceat tteeagtgtt 3000
15
        ccaggcaggg ggacttgcca cagcaagtca cgaacctgcc caaatacagg gctaaggaga 3060
        tattatgcat cacaaaactt gctctgccat taaacatttt tcaaagaatt tttgaagaat 3120
        gtttaatggc acaaaacgtt tatttcaatg tagcagtgtt caaagctgga tgtaaaagaa 3180
        cacaccccag gageetgeeg tgaatgteat gtgtgtteat etttggacat ggacatacat 3240
        gggcagtgag tggtggtgag gccctggagg acatcggtgg gatgcctcca tcctgcccct 3300
20
        ctqqaqacac catgtgtgcc acgtgcactc actggagccc tgtttagctg gtgccacctg 3360
        getettecat coetgagatt caaacacagt gagattecce acgeccaact cagtgttete 3420
        ccacaaaaaa cctqaqtcac acctqtqttc actcqaqqqa cqcccqqqqaq ccaqqqctcc 3480
        acagettatt atgtgttttt ggctgagtta tgtgcagatc tcatcagggc agatgatgag 3540
        tgcacaaaca cggccgtgcg aggtttggat acactcaaca tcactagcca ggtcctggtg 3600
25
        gagtttggtc atgcagagtc tggatggcat gtagcatttg gagtccatgg agtgagcacc 3660
        cagececete gggetgeage geatgeecea ggeaggacaa ggaageggga ggaaggeagg 3720
        aggetettig gageaagett tgeaggaggg ggetgggtgt ggggeaggea cetgtgtetg 3780
                                                                         3801
        acattecece etgtgtetea g
30
        <210> 16
        <211> 880
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
35
        gtgagcaggc tgatggtcag cacagagttc agagttcagg aggtgtgtgc gcaagtatgt 60
        gtgtgtgtgt gtgcgcgcgt gcctgcaagg ctgatggtga ctggctgcac gtaagagtgc 120
        acatgtacgc atatacacgt gagcacatac atgtgtgcat gtgtgtacat gaaggcatgg 180
        cagtgtgtgc acaggtgtgc aagggcacaa gtgtgtgcac atgcgaatgc acacctgaca 240
40
        tqcatqtqtq ttcqtqcaca qtcqtqtqgq cattcacqtq aggtqcatqc gtqtqgqtqt 300
        gcagtgtgag tagcatgtgt gcacataaca tgtattgagg ggtcctcgtg ttcaccccgc 360
        taggtectca geaceagtge cacteettae aggatgagae ggggteceag geettggtgg 420
        getgaggete tgaagetgea geeetgaggg cattgteeca tetgggeate egegteeact 480
        coctetecty tyggettety tytecactee coetetecty tyggeattta catecactee 540
45
        actecetete tectgtggge atecgegtee actececete tetgtgggea tetgegteea 600
        corcoceret ergraggeat tracetecae receretect agriculture tateriagee 660
        gagecteggg ggcaggcaga tgacacagag tettgacteg eccagggtgg ttegcagetg 720
         ccgggtgagg gccaggccgg atttcactgg gaagagggat agtttcttgt caaaatgttc 780
         ctctttcttg ttccatctga atggatgata aagcaaaaag taaaaactta aaatcccaga 840
50
         gaggtttcta cogtttctca ctctttcttg gcgactctag
                                                                          880
         <210> 17
         <211> 3186
         <212> DNA
55
         <213> Homo sapiens
         gtgagccqcc accaagggt gcaggcccag cctccaggga ccctccgcgc tctgctcacc 60
         totgaccegg ggottcacct tggaactcot gggttttagg ggcaaggaat gtottacgtt 120
         ttcagtggtg ctgctgcctg tgcacagttc tgttcgcgtg gctctgtgca aagcacctgt 180
 60
         tetecatete tgggtagtgg taggageegg tgtggeeeca ggtgteeeca etgtgeetgt 240
         qcactggccg tgggacgtca tggaggccat cccagggcag caggggcatg gggtaaagag 300
         atgtttatgg ggagtcttag cagaggaggc tgggaaggtg tctgaacagt agatgggaga 360
         tcagatgccc ggaggatttg gggtctcagc aaagagggcc gaggtgggtg caggtgaggg 420
 65
```

tegetggeec caeceeggg aaggtgeage agagetgtgg eteceeacae ageeeggeea 480

```
geacetgtge tetgggeatg getgtgetee tggaacgtte cetgteetgg etggteaggg 540
        ggtgcccctg ccaagaatcg acaactttat cacagaggga agggccaatc tgtggaggcc 600
        acagggccag cttctgcctg gagtcagggc aggtggtggc acaagcctcg gggctgtacc 660
        aaagggcagt cgggcaccac aggcccgggc ctccacctca acaggcctcc cgagccactg 720
 5
        ggagctgaat gccaggagge cgaagecete geeceatgag ggetgagaag gagtgtgage 780
        atttgtgtta cccagggccg aggctgcgcg aattaccgtg cacacttgat gtgaaatgag 840
        gtcgtcgtct atcgtggaaa cccagcaagg gctcacggga gagttttcca ttacaaggtc 900
        gtaccatgaa aatggttttt aacccgagtg cttgcgcctt catgctctgg cagggagggc 960
        agagecaeag etgeatgtta eegeetttge accageteea gaggettggg accaggetgt 1020
10
        ctcagttcca gggtgcgtcc ggctcagacc gccctcctct ctgccttctc tctctgcctc 1080
        aaatetteee tegtttgeat eteeetgaeg egtgeetggg eeetegtgea agetgettga 1140
        ctcctttccg gaaacccttg gggtgtgctg gatacaggtg ccactgagga ctggaggtgt 1200
        ctgacactgt ggttgacccc agggtccage tggcgtgctt ggggcctcct tgggccatga 1260
        tgaggtcaga ggagttttcc caggtgaaaa ctcctgggaa actcccaggg ccatgtgacc 1320
15
        tgccacctgc tcctcccata ttcagctcag tcttgtcctc atttccccac cagggtctct 1380
        ageteegagg ageteeegta gagggeetgg geteagggea gggeggetga gttteeccae 1440
        ccatgtgggg accettgggt agtegettga ttgggtagee ctgaggagge cgagatgega 1500
        tgggccacgg gccgtttcca aacacagagt caggcacgtg gaaggcccag gaatcccctt 1560
        ccctcgaggc aggagtggga gaacggagag ctgggccccg atttcacggc agccaggctg 1620
20
        cagtgggcga ggctgtggtg gtccacgtgg cgctgggggc ggggtctgat tcaaatccgc 1680
        tggggetegg cetteetgge eegtgetgge egegeeteca caegggettg gggtggaege 1740
        cccgacctct agcaggtggc tatttctccc tttggaagag agcccctcac ccatgctagg 1800
        tgtttccctc ctgggtcagg agcgtggccg tgtggcaacc ccgggacctt aggcttattt 1860
        atttgtttaa aaacattctg ggcctggctt ccgttgttgc taaatgggga aaagacatcc 1920
25
        cacctcagca gagttactga gaggctgaaa ccggggtgct ggcttgactg gtgtgatctc 1980
        aggtcattcc agaagtggct caggaagtca gtgagaccag gtacatgggg ggctcaggca 2040
        gtgggtgaga tgaggtacac ggggggctca ggcagtgggt gaggccaggt acatgggggg 2100
        ctcaggcact gggtgagatg aggtacacgg ggggctcagg cagagggtca gaccaggtac 2160
        acgggggctc tgatcacacg cacatatgag cacatgtgca catgtgctgt ttcatggtag 2220
30
        ccaqqtctqt qcacacctqc cccaaaqtcc caqqaaqctq agaggccaaa gatggaggct 2280
        gacagggetg gegeggtgge teacacetgt agteceagea etttgggagg eegaggegag 2340
        aggatecett gageecagga gtttaagace ageetgagea acatagtaga acceeatete 2400
        tatgaaaaat aaaaacaaaa attagctgaa catggtggtg tgcgcctgta gttccaatac 2460
        ttgggagget gaagtgggag gateaettga geecaggagg tggaagetge agtgagetga 2520
35
        gattgcacca ctgtactgca gcctgggtga cagagtgaga gcccatctca acaacaacaa 2580
        agaagactga caaatgcagt ttcttggaaa gaaacattta gtaggaactt aacctacaca 2640
        ccccagaccc agggtttatg caccacaggg gcgggtggct cagaagggat gcgcaggacg 2760
        ttgatatacg atgacatcaa ggttgtctga cgaagggcag gattcatgat aagtacctgc 2820
40
        tggtacacaa ggaacaatgg ataaactgga aaccttagag gccttcccgg aacaggggct 2880
        aatcaqaaqc caqcatqqqq qqctqqcatc caggatggag ctgcttcagc ctccacatgc 2940
        gtgttcatac agatggtgca cagaaacgca gtgtacctgt gcacacacag acacgcagct 3000
        actegeacae acaageacae acacagaeat geatgeatge atcegtgtgt gtgeacetgt 3060
        qcccatqaqq aaacccatqc atgtgcattc atgcacgcac acaggcaccg gtgggcccat 3120
45
        goodacacco acgagoaccg totgattagg aggootttcc totgacgotg tocgccatco 3180
        tctcag
        <210> 18
        <211> 781
50
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
         <400> 18
        gtatgtgcag gtgcctggcc tcagtggcag cagtgcctgc ctgctggtgt tagtgtgtca 60
 55
         ggagactgag tgaatctggg cttaggaagt tcttacccct tttcgcatca ggaagtggtt 120
         taacccaacc actgtcagge tegtetgece gecetetegt ggggtgagca gagcacetga 180
         tggaagggac aggagctgtc tgggagctgc catcettecc acettgetet geetggggaa 240
         gcgctggggg gcctggtctc tectgtttgc cccatggtgg gatttggggg gcctggcctc 300
         tcctgtttgc cctgtggtgg gattgggctg tctcccgtcc atggcactta gggcccttgt 360
         gcaaacccag gccaagggct taggaggagg ccaggcccag gctaccccac ccctctcagg 420
 60
         agcagaggec gegtateace aegacagage eccgegeegt cetetgette ecagteaceg 480
         tectetgece etggacaett tgtecageat cagggaggtt tetgateegt etgaaattea 540
         agccatgtcg aacctgcggt cctgagctta acagcttcta ctttctgttc tttctgtgtt 600
```

```
gtggaaattt cacctggaga agccgaagaa aacatttctg tcgtgactcc tgcggtgctt 660
        gggtcgggac agccagagat ggagccaccc cgcagaccgt cgggtgtggg cagctttccg 720
        gtgtctcctg ggaggggagc tgggctgggc ctgtgactcc tcagcctctg ttttccccca 780
        đ
                                                                        781
 5
        <210> 19
        <211> 536
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
10
        <400> 19
        gcaagtgtgg gtggaggcca gtgcgggccc cacctgccca ggggtcatcc ttgaacgccc 60
        tgtgtggggc gagcagcctc agatgctgct gaagtgcaga cgccccggg cctgaccctg 120
        ggggcctgga gccacgctgg cagccctatg tgattaaacg ctggtgtccc caggccacgg 180
15
        agcotggoag ggtccccaac ttottgaacc cotgettocc atotcagggg cgatggotoc 240
        ccacgettgg gageettetg acceetgace tgtgteetet cacageetet tecetggetg 300
        ctgccctgag ctcctggggt cctgagcaag ttctctcccc gccccgccgc tccagcgtca 360
        ctgggctgcc tgtctgctcg ccccggtgga ggggtgtctg tcccttcact gaggttccca 420
        ccagccaggg ccacgaggtg caggccctgc ctgcccggcc acccacacgt cctaggaggg 480
20
        ttggaggatg ccacctctgg cctcttctgg aacggagtct gattttggcc ccgcag
        <210> 20
        <211> 3179
        <212> DNA
25
        <213> Homo sapiens
        atctcatgtt tgaatcctaa tgtgcactgc atagacacca ctgtatgcaa ttacagaagc 60
        ctgtgagtga acggggtggt ggtcagtgcg ggcccatggc ctggctgtgc atttacggaa 120
30
        gtctatgagt gaatggggtt gtggtcagtg cgggcccatg gcctggctgg gcctgggagg 180
        tttctgatgc tgtgaggcag gaggggaagg agggtagggg atagacagtg ggagccccca 240
        ccctggaaga cataacagta agtccaggcc cgaagggcag cagggatgct gggggcccag 300
        cttgggcggc ggggatgatg gagggcctgg ccagggtggc agggatgatg ggggccccag 360
        ctggggtggc aggggtgatg gggggggctg gtctgggtgg cggggaagat ggggaagcct 420
35
        ggctgggccc cctcctcccc tgcctcccac ctgcagccgt ggatccggat gtgcttccct 480
        ggtgcacatc ctctgggcca tcagctttca tggaggtggg gggcaggggc atgacaccat 540
        cctgtataaa atccaggatt cctcctctg aacgccccaa ctcaggttga aagtcacatt 600
        ccgcctctgg ccattctctt aagagtagac caggattctg atctctgaag ggtgggtagg 660
        gtggggcagt ggagggtgtg gacacaggag gcttcagggt ggggctggtg atgctctctc 720
40
        atcetettat cateteecag teteatetet cateetetta teateteeca gteteatetg 780
        tetteetett ateteegagt eteatetgte ateetettae eateteegag teteatetet 840
        tatectetta tetectagte teatecagae ttaeeteeca gggegggtge caggetegea 900
        gtggagctgg acatacgtcc ttcctcaggc agaaggaact ggaaggattg cagagaacag 960
        gaggggggc tcagagggac gcagtcttgg ggtgaagaaa cagccctcc tcagaagttg 1020
45
        gettgggcca cacgaaaccg agggccctgc gtgagtggct ccagagcctt ccagcaggtc 1080
        cctggtgggg ccttatggta tggccgggtc ctactgagtg caccttggac agggcttctg 1140
        gtttgagtgc agcccggacg tgcctggtgt cggggtgggg gcttatggcc actggatatg 1200
        gegteattta ttgetgetge tteagagaat gtetgagtga eegageetaa tgtgtatggt 1260
        gggcccaagt ccacagactg tgtcgtaaat gcactctggt gcctggagcc cccgtatagg 1320
50
        agetgtgagg aaggaggge tettggeage eggeetgggg gegeetttge eetgeaaact 1380
        ggaagggagc ggcccgggc gccgtgggcg gacgacctca agtgagaggt tggacagaac 1440
        agggcgggga cttcccagga gcagaggccg ctgctcaggc acacctgggt ttgaatcaca 1500
        gaccaacagg tcaggccatt gttcagctat ccatcttcta caaagctcca gattcctgtt 1560
        totocgggtg tittitgtig aaattitact caggattact tatattitti gotaaagtat 1620
55
        tagaccetta aaaaaggtat ttgetttgat atggettaac teactaagea ectaetttat 1680
        ttgtctgttt ttatttatta ttattattat tattagagat ggtgtctact ctgtcaccca 1740
        ggttgttagt gcagtggcac agtcatggct cgctgtagcc gcaaaccccc aggctcaagt 1800
        gatecteegg ceteagette ceagagtget gggattaeag gtgtgageea etgeeettge 1860
        ctggcacttt taaaaaccac tatgtaaggt caggtccagt ggcttccaca cctgtcatcc 1920
60
        cagtagtttg ggaagccgag gcagaaggat tgtctgaggc caggagtttg agaccagcat 1980
        gggtaacata gggagacccc atctctacaa aaaatgcaaa aagttatccg ggcgtggggt 2040
        ccagcatctg tagtcccagc tgctcgggag gctgagtggg aggatcgctt gagcccggga 2100
        ggtcatggct gcagtgagct gtgattgtac catcgcactc cagcctgggc aacagagtga 2160
        65
```

	taggtagact	gtcaaatctc	agagcaaaat	gaaaataaca	aagttttaaa	gggaaagaaa	2340
	aaccccagct	ctttggactt	ccttaggcct	gaacttcatc	tcaagcagct	tccttccaca	2400
	gacaagcgtg	tatggagcga	gtgagttcaa	agcagaaagg	gaggagaagc	aggcaagggt	2460
	ggaggctgtg	ggtgacacca	gccaggaccc	ctgaaaggga	gtggttgttt	tectgeetea	2520
5	gccccacgct	cctgccggtc	ctgcacctgc	tgtaaccgtc	gatgttggtg	ccaggtgccc	2580
	acctgggaag	gatgctgtgc	agggggcttg	ccaaactttg	gtgggtttca	gaagccccag	2640
	gcacttgtgg	caggcacaat	tacagcccct	ccccaaagat	gcccacgtcc	ttctcctgga	2700
	acctgtgaat	gtgtcacccg	caaggcagag	gctggtgaag	gctgcaggtg	gaatcacggc	2760
	tgccagtcag	ccgatcttaa	ggtcatcctg	gattatctgg	tgggcctgat	atggccacaa	2820
10	gggtccctag	aagtgagaga	gggaggcagg	ggagagtcag	agaggggacg	tgagaaggac	2880
	cactggccac	tgctggcttt	gagatggagg	agggggtccc	cagccaagga	atgggggcag	2940
	ccgctccatg	ctggaaaagc	aagcaatcct	ccccggtcct	gagggcacac	ggccctgccc	3000
	acgcctcgat	ttcaggccag	tgggacctgt	ttcagctttc	cggcctccag	agctgtaaga	3060
	tgatgcgttt	gtgttcagcc	actaagctgc	agtgattcgt	cacagcagca	aatggaatag	3120
15	cagtacaggg	aaatgaatac	agggacagtt	ctcagagtga	ctctcagccc	acccctggg	3179